Edito

Chers partenaires,

s'écrit aussi dans un contexte de défis. Des défis pour nos élevages, d'abord

multiplient, et où de nouvelles maladies émergeront probablement demain.

donner des perspectives, et de rendre l'avenir plus apaisé. La génétique doit

être un levier d'innovation pour orienter une sélection d'animaux résilients. Combinée aux techniques d'élevage, la génomique doit être un outil de

confrontées à une décroissance économique sans précédent dans l'élevage

— à l'heure où certaines exploitations sont frappées par la dermatose

nodulaire contagieuse des bovins, où des zones de réglementation se

Nous devons à nos éleveurs d'apporter des réponses concrètes, de leur

prévention pour nos élevages. Ce sont aussi des défis pour nos filières,

français. Dans un tel contexte, la priorisation des sujets n'est plus une

détermination.

option : c'est une nécessité. Nous devons agir avec lucidité, solidarité et

Je suis convaincu que la génétique est un levier d'amélioration, à la fois de

performances de nos élevages et d'efficacité de nos filières de ruminants françaises. Je crois fermement dans les partenariats scientifiques et

techniques mis en place par APIS-GENE durant les 22 dernières années, qui

ont contribué, grâce au dialogue privilégié instauré avec les filières au travers de notre structure, à répondre aux attentes du terrain grâce à une recherche ambitieuse et au déploiement terrain d'innovations que nous souhaitons accessibles au plus grand nombre. Le programme Méthane 2030, que nous portons et cofinançons, est symptomatique de nos ambitions mutualisées et collectives pour fournir à tous les éleveurs des solutions vers un élevage efficient et durable. J'aurai le plaisir d'échanger avec vous sur ce programme

C'est avec une profonde gratitude que j'ai pris,

seulement cultiver la terre, c'est cultiver une

histoire. C'est ce que j'entends faire dans APIS-GENE durant ce nouveau mandat. Mais l'histoire

depuis un peu moins d'un mois, le relai de Daniel Perrin à la Présidence d'APIS-GENE. On entend parfois que reprendre une ferme, ce n'est pas



Sommaire En vedette

Programmes à la Une Comment faciliter le diagnostic des endométrites subcliniques?

Vers des index pour réduire la mortalité juvénile des bovins laitiers et allaitants Cartographier le persillé : comment la race et la génétique influent sur la qualité des viandes? Du côté des doctorants DeepGP, et si les évaluations génomiques du futur intégraient des méthodes d'Intelligence

Artificielle

Valorisation Sélectionner plus vite qu'il n'en faut pour le dire **Calendriers** Le bon coin des actionnaires

Stéphane Joandel

à l'occasion du 1^{er} Comité des Porteurs d'Enjeux le 26 novembre 2025 à la Maison Nationale des Eleveurs. Je mettrai donc un point d'honneur à défendre une recherche au plus près des attentes et des besoins des éleveurs, et je suis confiant sur le fait qu'ensemble, grâce aux nombreux apports de la génétique et de la génomique, nous avancerons aux bénéfices de filières de ruminants durables. Président d'APIS-GENE

En vedette : Génétique animale et élevage durable,

renouvellement du partenariat public-privé entre INRAE et APIS-GENE

caprines performantes et durables. Ainsi on recense sur 2019-2024 :

STAR (INRAE, Idele) pour les filières de petits ruminants ;

important d'éleveurs d'accéder à de nouvelles innovations :

éleveurs dans leurs besoins de performance économique et de durabilité. »

valorisation mais aussi de communication afin d'en maximiser les impacts.

© INRAE – Christophe Maître

décarbonation.

deux organismes par la signature d'un nouvel accord-cadre pour 5 ans (2025-2030). Engagés conjointement depuis 2019, les deux structures ont un objectif partagé : positionner la recherche en génétique et en génomique comme levier d'adaptation de l'élevage des ruminants français face aux multiples défis à relever. Cette signature a été l'occasion de faire un bilan

illustrent

les

sur le dernier accord-cadre. Ainsi, depuis 2019, les collaborations entre les deux partenaires

effets

l'harmonisation des modalités du financement

bénéfiques

Le lundi 22 septembre, Philippe Mauguin, président-directeur général d'INRAE et Daniel Perrin, ancien président de la SAS APIS-GENE, ont renforcé la collaboration privilégiée des

14 nouvelles thèses bénéficiant de l'écosystème INRAE dans le cadre de projets financés par APIS-GENE; 4 nouvelles valorisations conjointes sont issues du partenariat public/privé, permettant à un nombre toujours plus ⇒ la mise en place d'un nouveau modèle de sélection génomique pour de nouveaux caractères, notamment de santé ⇒ le déploiement de la sélection génomique à la filière caprine (2021) ;

Philippe Mauguin, PDG d'INRAE

IDEES – Amorçage – 2024/2026

252 k€ dont **125 k€ financés par APIS-GENE**

Après la mise-bas, l'appareil génital de la vache est systématiquement colonisé par des bactéries responsables d'inflammation, qui sont pour la plupart gérées par la vache. Dans les 15 premiers jours post-vêlage, l'affection la plus courante est la

manifestent par des écoulements vaginaux facilement détectables, 40% des cas sont dits subcliniques et ne présentent aucun symptôme. Chez les races laitières, la prévalence des endométrites subclinique (ESC) est de l'ordre de 25%. Chez certaines races allaitantes, elle peut être de 50%. Ces pathologies ne sont pas sans

⇒ la mise en place de l'évaluation génomique de la résistance à la paratuberculose (2023) vient également renforcer la lutte contre cette maladie, répandue chez les bovins et à l'issue fatale ; ⇒ un accord spécifique pour l'évaluation génomique de la race Blonde d'Aquitaine (2025) vient compléter le panel de ces valorisations. La sélection génomique bovine s'est par ailleurs enrichie d'une nouvelle méthodologie, le single step, qui améliore la précision

de la recherche et des règles de valorisation des résultats des programmes conjoints au service des filières bovines, ovines et

39 nouveaux programmes de recherche ont été construits ou co-construits en partenariat entre INRAE et APIS-GENE, le plus souvent dans le cadre des Unités Mixtes Technologiques eBIS (INRAE, Idele, ELIANCE) pour les filières bovines et

de l'évaluation des index. Enfin une collaboration scientifique et technique s'est enclenchée au travers du programme national Méthane 2030, financé dans le cadre du plan France 2030, dont APIS-GENE est chef de file et porte également 41% du budget, pour un financement total de 12,3 M€ sur 4 ans, et auquel contribuent INRAE et de nombreux partenaires techniques et professionnels des filières

ruminants. Les objectifs sont d'harmoniser les méthodes de mesures des émissions de méthane entérique et d'améliorer leurs prédictions dans différents contextes d'élevages, et de proposer les meilleures combinaisons des leviers disponibles pour réduire ces émissions : conduite du troupeau, alimentation des animaux et solutions nutritionnelles anti-méthane notamment. Il

s'agit aussi de mettre en place et déployer des évaluations génomiques sur les émissions de méthane, incluant un index synthétique génétique « efficience méthane ». Méthane 2030 a pour objectif d'atteindre 30% de réduction des émissions de méthane entérique en 10 ans en France, et de fournir aux éleveurs un service complet pour poursuivre leurs actions de

« En réaffirmant la force de notre partenariat avec APIS-GENE autour du levier génétique et génomique, l'institut accentue son engagement à apporter des solutions aux filières bovines, ovines et caprines et accompagner ainsi les

« Par l'ensemble de ses travaux déjà engagés, APIS-GENE assoit son engagement ambitieux pour stimuler la recherche dans son domaine : 12M€ investis par la SAS ont généré plus de 30M€ de programmes de recherche sur les 5 dernières années. » a indiqué Daniel Perrin, ancien président de la SAS APIS-GENE Pour cette nouvelle période 2025-2030, cet accord-cadre constitue un socle fort pour poursuivre cette collaboration aux

Les modalités de collaboration s'inscrivent dans l'ambition de toujours mieux structurer les actions communes de recherche, de

multiples bénéfices liés principalement aux apports humains, matériels, intellectuels et financiers réciproques.

PROGRAMMES À LA UNE La Science avance pour nos filières!

Comment faciliter le diagnostic des endométrites subcliniques?

Télécharger le communiqué de presse <u>ici</u>.

métrite, qui touche 5 à 10% des vaches laitières et qui est facilement détectable par l'éleveur. Mais 25% des vaches, notamment les hautes productrices, resteront inflammées après le 21^{ème} jour. On parle alors d'endométrites. Si les cas cliniques se

conséquences puisqu'elles vont dégrader les performances de reproduction et peuvent être responsables d'infertilité, avec un

Actuellement, une détection fiable des ESC ne se fait qu'au prix d'un diagnostic technique et chronophage reposant sur un comptage cellulaire réalisé sur prélèvement utérin. Un test à partir de bandelettes urinaires est également disponible, mais avec

routine, la facilitation et l'automatisation de la lecture des lames microscopes permettant le comptage cellulaire, et

une fiabilité toute relative. Le programme IDEES propose de faciliter le diagnostic des ESC, la détection de cette pathologie étant un enjeu économique et sociétal pour les élevages de bovins. Ce programme d'amorçage propose d'explorer plusieurs pistes : la recherche de biomarqueurs du sang et du lait pour développer des tests diagnostics fiables, rapides et peu coûteux pour une utilisation en

impact économique chiffré à 45€ par cas en moyenne (ENVT).

l'objectivation des tests à partir de bandelettes urinaires. Ces travaux seront réalisés dans un premier temps pour les races Holstein, Montbéliarde et Blonde d'Aquitaine. « Le sujet des endométrites subcliniques est assez peu étudié en France, et la plupart des données sur les Holstein sont américaines », explique Sophie Lancelin (ELIANCE), coordinatrice du programme, « IDEES va nous permettre d'avoir des données, des références sur nos populations bovines françaises ». Grâce à une collaboration étroite avec 5 coopératives réparties sur 9 départements (AURIVA-Elevage, CONNEXYON, COOPELSO, COOPEL et XR Repro), des techniciens ont été formés pour collecter les échantillons biologiques et les données zootechniques nécessaires à la constitution d'une population de référence dans des élevages préalablement identifiés. Les objectifs de collecte de frottis endométriaux et d'échantillons sanguins sont quasiment atteints avec près de 340 femelles Montbéliardes, 220 Holstein et 240 Blondes d'Aquitaine prélevées. En plus, des échantillons de lait sont en cours de collecte pour les deux races laitières, ce qui permettra d'obtenir des données supplémentaires. Les comptages cellulaires de chaque frottis sont en cours pour déterminer la proportion des neutrophiles, globules blancs synonymes d'inflammation. « Pour chaque animal, nous collectons deux échantillons. Près de 1 800 lames microscopes seront analysées d'ici le 1er semestre 2026 grâce à 3 stagiaires vétérinaires. A raison de quelques 100 cellules par lame, qu'ils doivent classer dans l'une des 6 catégories de neutrophiles ou dans la catégorie « globules rouges », c'est un travail colossal », précise Sophie Lancelin. Ces analyses permettront d'établir des méthodes de référence françaises pour distinguer les animaux atteints des animaux sains, des seuils diagnostiques, de voir s'ils sont transposables d'une race à l'autre. IDEES permettra d'améliorer les connaissances, à l'échelle des trois races françaises impliquées dans le programme, de la proportion d'animaux atteints et de l'impact des ESC sur leurs performances de reproduction.

Pour s'affranchir des méthodes actuelles de comptage cellulaire, plusieurs approches seront testées dans l'objectif de faciliter l'identification des ESC, dont l'identification de biomarqueurs à partir de matrices facilement accessibles, comme le sang et le lait. « Si l'on trouve une piste qui fonctionne, facilement applicable, on pourra améliorer le diagnostic et donc optimiser les performances de reproduction des filières », conclue Sophie Lancelin. IDEES n'est qu'une première pierre à l'édifice mais offre de grandes perspectives pour améliorer la santé de l'utérus et la reproduction des bovins. entipole patricular pa

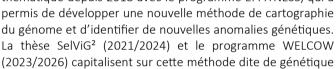
réduction du taux de mortalité des jeunes est un enjeu de taille pour les filières bovines. A l'interface entre enjeux économiques, bien-être animal et durabilité, la diminution de la mortalité juvénile se positionne comme un levier d'efficience pour les élevages bovins, qu'ils soient laitiers ou allaitants. Face à ce constat, APIS-GENE investit dans la thématique depuis 2018 avec le programme EFFITNESS, qui a



Vers des index pour réduire la mortalité

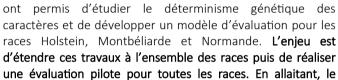
juvénile des bovins laitiers et allaitants

En incluant la main d'œuvre, le coût d'élevage d'une génisse se situe entre 1 500 € et 2 000 €, représentant ainsi un poste de dépense important pour les exploitations bovines. Aussi, la









279 k€ dont 260 k€ financés par APIS-GENE

Cartographier le persillé : comment la race et la génétique influent sur la qualité des viandes ? Le persillé est recherché par les amateurs de bonne viande ! En effet, ce gras intramusculaire infiltré naturellement dans le muscle de l'animal, et visible à l'œil nu a un impact positif sur la flaveur, la jutosité et la tendreté de la viande, améliorant ainsi la qualité des viandes perçue en bouche. De ce fait, la filière bovine a engagé des travaux sur cette thématique, rappelant ainsi l'importance du persillé dans la chaîne de valeur de la viande bovine. Le persillé se positionne comme un nouvel indicateur de la qualité organoleptique de la viande, en complément des outils préexistants. En partenariat avec l'Institut de l'Elevage, l'interprofession a

transférées à GenEval à l'horizon 2026. SéVitAL offre alors, à court terme à tous les OS et ES, laitiers et allaitants, souhaitant intégrer la réduction de la mortalité juvénile dans leur programme de sélection, des outils de gestion complémentaires, au bénéfice de l'efficience des élevages. OS et ES impliqués dans le programme : BGS, OS Prim Holstein, OS Simmental France, Genes Diffusion, OS Normande, AURIVA, UMOTEST, Eva-Jura, Montbéliarde Association, OS Vosgienne, OS Charolais France France Limousin Sélection, Aubrac, SICA Rouges des Prés, OS Blonde

> CARTOPERSILLE - R&D - 2025/2028 239 k€ dont 239 k€ financés par APIS-GENE

compléments, des prélèvements seront réalisés afin de

génotyper les animaux et ainsi réaliser les premières analyses

Cette base de données permettra de réaliser des analyses

statistiques pour, d'une part, objectiver l'hétérogénéité de la

teneur en persillé des muscles en lien avec le type racial des

animaux évalués, et d'autre part d'établir des équations de

prédiction entre les notes de persillé visuelles mesurées à la 5^{ème} côte et les teneurs en lipides et niveaux de persillé des

muscles investigués. Elle permettra également d'amorcer des analyses génétiques pour rechercher des gènes d'intérêt pour

en fonction des relations entre les caractères. Ainsi,

intégrer des méthodes d'IA aux méthodes

statistiques classiques semble pertinent puisque

cela permet à minima d'égaler, voire de surpasser,

les performances des méthodes actuelles. C'est

aussi le cas pour les évaluations génomiques des

animaux croisés, puisque les méthodes d'IA peuvent prédire une valeur d'hétérosis qui,

ajoutée aux valeurs prédites classiquement,

permet d'obtenir une valeur génétique plus

représentative. Fatima Shokor explique : « Plus

l'effet d'hétérosis est élevé, et plus les prédictions seront améliorées. Sur notre jeu de données

simulées, nous avons obtenu des gains de

précision de 6 à 25% grâce au deep learning. La

méthode développée offre une approche robuste

et flexible à appliquer aux programmes de

sélection des animaux croisés ». Chaque point

gagné permettra de mieux orienter les stratégies

de sélection et ainsi d'optimiser la performance et

la résilience des animaux, et l'utilisation du deep

learning se positionne également comme un outil

pour mieux comprendre l'architecture des

Ces méthodes ont été testées à des fins

d'optimisation des plans d'accouplements. S'il est

apparu, sur les jeux de données utilisés, que

l'intérêt en termes de gain de précision était assez

limité, le deep learning présente un intérêt non

négligeable d'un point de vue calculatoire, puisqu'il

permet en quelques minutes seulement d'obtenir

des résultats pour lesquels la méthode GBLUP

Fatima Shokor conclue : « Le deep learning pourrait être combiné aux méthodes statistiques actuelles

utilisées dans les évaluations génomiques, les deux

sont complémentaires et ne peuvent pas se

substituer ». Les perspectives de gain de précision

et de temps de calcul sont prometteuses pour le

développement de nouvelles technologies qui

permettront à la sélection génomique française de

rester à la pointe de l'innovation.

Article scientifique :

Shokor et al., J Dairy Sci., (2025)

actuelle nécessite plus de deux jours de calculs.

caractères en sélection.

la production de viandes persillées.

génétiques.

gras d'une pièce de viande ». Cette technologie non Par ailleurs, les résultats de ces travaux pourraient fournir des destructrice a déjà été utilisée dans les filières porcines et recommandations et des outils aux opérateurs de la filière pour optimiser le dispositif génétique intra-race nécessaire à bovines afin de quantifier précisément les proportions volumétriques de muscles et gras d'une pièce de viande. une sélection du persillé en adéquation avec les attentes du marché. Au total, le programme ambitionne d'étudier près de 232 carcasses, et d'analyser plus de 2 300 muscles. En Partenaires du programme :

dire

perte annuelles.

Méthane

ELIANCE

15.2

(INRAE)

VALORISATION

Congrès Mondial de la Viande interbev 27 au 30 oct. 2025 (Brésil)

© JM Cappelier

 Grand Angle viande **13 nov. 2025** (Paris & antennes Idele) Webinaire ALONGE #3 -Longévité des vaches laitières :

direction le 30 octobre 2025. Emeric Pillet prendra la suite de Joël Merceron. Webinaire: eBIS actu n°14 0000 La génétique pour améliorer la santé des bovins

25 nov. 2025 (Paris)

01 81 72 16 75 administration@apisgene.fr Maison Nationale des éleveurs

inverse et ont notamment permis de mettre en place une évaluation génomique pilote sur la mortinalité en bovins lait (Holstein, Normande et Montbéliarde) mais également d'initier des réflexions sur les stratégies de gestion de ces évaluation génomique sur la mortinatalité, les travaux nouvelles anomalies. Le programme SéVitAL vise alors à conduits au cours de la thèse SelViG² et le projet WELCOW finaliser les travaux engagés ces 10 dernières années et à doter les programmes de sélection qui le souhaitent de nouveaux outils de gestion des anomalies génétiques responsables de surmortalité juvénile. « Le premier objectif du programme était de mettre à jour les travail à réaliser est un peu plus amont, avec des analyses du bilans statistiques qui avaient été produits dans le cadre du déterminisme génétique des caractères retenus pour définir programme MORPHE (FGE 2013/2015), il y a plus de 10 ans », des modèles génétiques et développer une évaluation adaptés explique Sophie Aguerre (Idele), coordinatrice du programme. à cette filière. L'analyse des corrélations génétiques permettra « On a ainsi pu voir que, pour les deux filières laitières et également de mieux connaitre ces caractères allaitantes, les taux de mortalité sont stables sur la période mortalité. « Dans les deux filières, les corrélations génétiques 2010-2025 ». Les taux de mortalité, toutes races confondues, entre les caractères de mortalité et les caractères en sont d'environ 10% pour la période 3-365 jours pour la filière sélection seront estimées. », ajoute Sophie Aguerre. laitière et la période 0-180 jours pour la filière allaitante. Dans les deux filières, une certaine variabilité entre races a été Ces évaluations pilotes, laitières et allaitantes, seront au final observée. Pour les races laitières, les taux de mortalité varient de 5 à 20% sur la période 3-365 jours, alors que pour les allaitantes ils sont de l'ordre de 4 à 15% sur la période 0-180 jours en fonction des races. Ces bilans, réalisés par année de naissance, par race et par âge, ont d'ores et déjà été transmis aux entreprises et organismes de sélection, dont l'importante mobilisation dans le cadre du programme révèle le fort intérêt pour la mise en place de cette indexation. « Ces bilans serviront de bases de discussion sur le choix des caractères à retenir pour l'évaluation génomique », explique Sophie Aguerre. d'Aquitaine ELIANCE INRAC Partenaires du programme :

élaboré un plan d'action autour du persillé, dont les premiers travaux ont abouti à l'élaboration d'une grille d'évaluation visuelle du persillé à la 5^{ème} côte. Ce référentiel est composé de 6 classes, il va de 1 pour des viandes peu persillées à 6 pour des viandes très persillées. En parallèle, plusieurs outils de phénotypage du persillé, en vif et sur carcasse, sont en cours de développement (Meat@ppli, Meat€cho [APIS-GENE]). D'autres travaux ont permis de faire un état des lieux des niveaux de persillé des carcasses bovines produites en France, et ont mis en évidence un impact important de la race des animaux, en lien avec la précocité. Mais plusieurs aspects restent à investiguer, notamment le lien entre le niveau de persillé observé à la coupe primaire des carcasses et celui des autres muscles, afin de permettre aux différents acteurs de la filière de créer de la valeur autour de ce critère. Dans la continuité de ces travaux, le programme CARTOPERSILLE ambitionne d'étudier l'impact de la race et de la génétique sur la répartition du persillé dans les différents muscles de la carcasse bovine.

Pour cela, 4 races seront sélectionnées, de manière à couvrir une diversité importante de précocité de dépôt de gras parmi les femelles de races allaitantes spécialisées, de races allaitantes rustiques, et de races mixtes. L'étude portera sur une dizaine de muscles. Aubert Nicolazo de Barmon (Idele), coordinateur du programme, explique : « L'un des premiers objectifs sera de sélectionner les muscles les plus intéressants du point de vue de leur valeur commerciale. Ils devront également être représentatifs des muscles de la carcasse. ». Cela permettra de répondre aux questionnements de la filière et d'être le plus représentatif possible d'une carcasse de gros bovin. Cette étude devrait permettre de connaître la relation

entre le persillé au niveau de la 5^{ème} côte et celui d'autres

muscles d'intérêt, et d'en caractériser l'hétérogénéité.

CARTOPERSILLE repose sur une importante collecte de

données et de prélèvements en abattoir. Pour chaque

carcasse étudiée, une évaluation du persillé à la 5^{èm}e côte

sera réalisée par notation visuelle et par analyse d'image.

Ensuite, les muscles investigués seront scannés par un

tomographe à rayons X afin de caractériser leur niveau de persillé et leur taux de lipides. Aubert Nicolazo de Barmon

ajoute : « Le tomographe nous permettra de quantifier précisément les proportions volumétriques de muscles et

DU CÔTÉ DES DeepGP, et si les évaluations génomiques du futur intégraient des méthodes d'Intelligence Artificielle Les prédictions génomiques ont amélioré, dès **DOCTORANTS** 2009, la précision des évaluations génétiques qui étaient réalisées à partir des seules informations généalogiques et phénotypiques. Au-delà de la précision des valeurs génétiques, la sélection génomique permet d'orienter les stratégies de sélection sur des animaux dès leur plus jeune âge. Elle repose sur des méthodes statistiques qui permettent d'intégrer l'information génomique en plus de celle des généalogies et des performances des animaux. A l'image de toutes les innovations, ces méthodes statistiques sont en perpétuelle amélioration, la dernière en date étant le Single-**Fatima Shokor** Step, qui permet de combiner en un seul et même calcul les trois types d'information génomique, pedigree et performance pour rendre des évaluations génomiques plus précises et plus fiables. Mais ces méthodes statistiques présentent de fait des limites calculatoires, notamment car S. Fritz (ELIANCE), P. Croiseau et B. Cuyabano elles reposent sur des hypothèses de linéarité des

données, ce qui limite la possibilité de prendre en

compte toute la complexité de l'architecture

génétique des caractères d'intérêt pour les filières.

Pour y remédier, les technologies d'Intelligence

Artificielle telles que le deep learning, ou

apprentissage profond, se positionnent comme un levier d'intérêt. Ces techniques de modélisation

flexibles sont capables, voire nécessitent, de

grands et complexes jeux de données, à l'instar

des bases de données génétiques, et pourraient

prendre en compte des relations non considérées

La thèse DeepGP, réalisée par Fatima SHOKOR

(ELIANCE), avait pour objectif d'évaluer l'intérêt

d'intégrer le deep learning aux méthodes

Après avoir testé plusieurs modèles sur un jeu de

données simulées puis sur un jeu de plus de

113 500 données de vaches Holstein, la

doctorante a pu confirmer l'intérêt des méthodes

de deep learning pour capturer la complexité des

relations génétiques entre caractères et au sein

des populations croisées. Sur les données

simulées, le gain de précision s'élève entre 1 et 7% en fonction des caractères. Sur le jeu de données réelles, et par rapport à un modèle GBLUP, le deep

par les méthodes statistiques classiques.

learning permet d'améliorer la précision de 1 à 3%

statistiques actuelles.

Sélectionner plus vite qu'il n'en faut pour le Votre dévoué serviteur doit bien vous avouer une forme de soulagement à l'écriture de ces quelques lignes, car pendant tout

le temps des trois années du programme jamais les mots « sarcosporidiose » ou « myosite éosinophilique » n'ont réussi à sortir en un seul morceau. Et pourtant lorsqu'un bovin en exprime les symptômes, sa carcasse revêtue de son insaisissable patronyme phénotypique entraine une saisie totale de la carcasse. En effet, si 95% de la population bovine est porteuse de ce parasite et que la plupart des animaux ne déclarent aucun signe clinique, entre 0,2 et 0,3% des bovins abattus présentent des formations de kystes dans leur masse musculaire, appelés lésions de Myosites Eosinophiliques, qui entrainent la fameuse saisie totale à l'abattoir causant plusieurs millions d'euros de Comme souvent en génétique (bovine), les races ne sont pas égales devant les caractères et parmi les plus touchées on trouve

loin devant la Blonde d'Aquitaine et la Parthenaise, significativement surreprésentées au niveau des saisies à l'abattoir avec 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 GMyosEo (Action innovante FGE), qui a permis de mettre en évidence une composante génétique dans la sensibilité d'apparition de ces lésions. Grâce au financement apporté par APIS-GENE via GMyosEo2, la mobilisation d'Auriva et des Fonds d'Assainissement Régionaux, des indicateurs génomiques ont été produits par l'UMT eBIS. Un accord de valorisation permettra sous peu d'exploiter ces premiers indicateurs renforçant le positionnement de la génomique comme un levier d'intérêt pour réduire la proportion d'animaux saisis en abattoir pour cause de myosite éosinophilique grâce à la mise en place d'une sélection génomique d'animaux « résistants » et par l'adaptation des conduites d'élevages. Espérons qu'il faudra moins de temps pour contraindre ces lésions que pour en prononcer le nom. **C**ALENDRIERS Réunions

Comité des Porteurs d'Enjeux n°1 - C2P2 26 nov. 2025 (Paris) Comité de Pilotage n°5 **24 mars 2026** (Paris) Sommet mondial du Lait de la FIL 0000 20 au 23 oct. 2025 (Santiago - Chili)

vieillir plus pour gagner plus? 14 nov. 2025 Inauguration de la MNE rénovée comice des innovations des locataires • 15^{èmes} Rencontres Point d'Etape -17 déc. 2025 Journées de l'innovation d'ELIANCE → Voir plus d'événements Idele <u>ici</u> 19 et 20 nov. 2025 (Paris) **Autre information :** Changement de Capr'Inov 0000 26/27 nov. 2025 (Niort) 24 nov. 2025 (Paris) Colloque du GIS Avenir Elevages, Diversité des élevages diversité des territoires

149 rue de Bercy - 75 595 PARIS cedex 12

avec les soutiens financiers de :

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.

LE BON COIN

DES ACTIONNAIRES

0000

Si vous vous désinscrivez vous ne recevrez plus de mail d'information de notre part. Pour être supprimé de nos bases de données, veuillez