

Edito

Chers partenaires,

Tout d'abord, même si ces mots arrivent avec un léger décalage, c'est avec la même sincérité que je vous adresse mes meilleurs vœux pour cette nouvelle année. Que 2026, soit pour vous synonyme de réussite, de projets aboutis, mais surtout de santé — un bien précieux, tant sur le plan personnel que professionnel.

Car la santé, vous le savez mieux que quiconque, est véritablement le nerf de la guerre dans nos fermes. Chaque jour, sur le terrain, nous constatons combien elle conditionne la performance technique, économique et humaine de nos systèmes d'élevage. Nos filières de ruminants sont aujourd'hui confrontées à des défis sanitaires croissants, avec l'émergence de nouvelles maladies, que nous apprenons à maîtriser collectivement. L'absence de bovins au prochain Salon International de l'Agriculture en est un symbole fort, illustrant la responsabilité et la mobilisation de l'ensemble des acteurs de la filière.

Mais gérer ne suffit plus : il nous faut désormais mieux anticiper. Dans un contexte marqué par la recherche de résilience, de durabilité et de robustesse de nos cheptels français, la génétique apparaît comme un levier stratégique majeur. Elle offre des perspectives concrètes pour renforcer la santé animale, réduire les risques sanitaires et accompagner l'évolution de nos pratiques.

C'est dans cet esprit que j'ai à cœur de soutenir des travaux de recherche à valence santé ambitieux, au service des éleveurs, afin de leur permettre d'avoir des animaux en bonne santé, plus robustes et plus résilients pour faire face aux enjeux de demain. Ensemble, continuons à bâtir des filières performantes, responsables et résilientes.

Stéphane Joandel

Président d'APIS-GENE

Sommaire

Programme à la Une

- o Sélection génomique : quels bénéfices socio-économiques pour les éleveurs et les filières ?
- o Quels indicateurs pour mettre en place une évaluation génétique bovine de la résistance au parasitisme ?
- o Les catégories morphocinétiques des embryons, de potentiels leviers d'efficience pour les élevages ?

Du côté des doctorants

GenEpi, à la croisée des chemins entre génétique et épigénétique pour mieux comprendre le fonctionnement du génome

Valorisation

Des index Single-Step pour la Rouge des Prés et la Parthenaise

Calendriers

Le bon coin des actionnaires

PROGRAMMES À LA UNE

La Science avance pour nos filières !

Sélection génomique : quels bénéfices socio-économiques pour les éleveurs et les filières ?

ECOGENO – Finalisation – 2025/2027
206 K€ dont 171 K€ financés par APIS-GENE



Quel est l'impact de la sélection génomique plus de 15 ans après son adoption par les filières bovines françaises ? Le programme **OBGENO** (APIS-GENE - 2023/2024) a permis d'apporter des éléments d'objectivation scientifiques et techniques, notamment en ce qui concerne l'amélioration continue du progrès génétique pour tous les caractères quand, dans un même temps, leur nombre à disposition des éleveurs ne cesse d'augmenter, intégrant notamment des index à valence santé. La sélection génomique se positionne comme une technologie soe, amendée en continue pour répondre aux attentes et besoins des éleveurs, mais également comme un outil de gestion des anomalies bovines. L'intérêt pour cette innovation de rupture s'est traduit par une augmentation progressive du nombre de génotypage et de tests génétiques rendus sur la dernière quinzaine d'année, dépassant désormais le seuil des 400 000 index rendus annuellement pour les 11 races bovines qui en bénéficiaient en 2024. En parallèle, OBGENO a permis de produire différents abaques à destination de la recherche, qui seront précieux dans le cadre du montage des futurs programmes de R&D.

ECOGENO s'inscrit dans la continuité de ce travail d'objectivation, explorant cette fois-ci les dimensions sociales et économiques de la sélection génomique.

Pour objectiver la manière dont cette technologie a modifié le paysage génétique français à la fois en termes d'évolution des pratiques, de coûts et bénéfices, mais également d'impact sur les revenus des éleveurs et des filières dans leur ensemble, ECOGENO capitalise sur une approche pluridisciplinaire, via la mise en relation de données socio-économiques et de données techniques déjà mobilisées dans OBGENO. Grâce à l'analyse de bases de données et la réalisation d'enquêtes, à la fois en élevage et auprès des acteurs du conseil et de la mise en place des services génomiques, il devra être possible d'une part de **dresser le portrait précis des élevages en fonction de leur adoption ou non de ce service, et d'autre part de le compléter par une analyse objective des changements ayant accompagné l'introduction de la sélection génomique**, notamment en termes de pratiques d'élevage et en fonction de l'impact de la région et du secteur agricole. Les premiers travaux consistent donc à dresser des typologies régionalisées des élevages, avec dans un premier temps un focus sur la Montbéliarde. « Les moyennes nationales connues, par exemple sur le pourcentage de génisses génotypées ou l'utilisation de la semence sexée, ne sont en fait représentatives d'aucun système, car tout dépend de la région dans lequel on se trouve. En affinant

ces typologies, on pourra donner aux conseillers en élevages des outils avec des références applicables à leurs systèmes d'élevage », explique Stéphanie Minéry (Idele), coordinatrice du programme.

Ce bilan détaillé offrira également aux filières des **chiffrages économiques de l'impact de la mise en place de la sélection génomique, tant en termes de coûts que de bénéfices**. Un focus particulier sera fait sur la gestion des anomalies bovines, fortement facilitée par les outils génomiques qui ont progressivement été développés.

Le programme intègre une thèse CIFRE (Idele-ENVT), également cofinancée par APIS-GENE, qui complètera les approches avec une étude de modélisation bioéconomique. La doctorante, Maria Fernanda, vient d'être recrutée et commencera au printemps 2026. **Ce travail de programmation mathématique simulera les coûts et bénéfices monétaires et non monétaires afin de tester différents scénarios d'utilisation de la sélection génomique au sein des élevages bovins laitiers et allaitants.**

Dans la continuité d'OBGENO, les résultats d'ECOGENO devraient amener de nouvelles perspectives pour continuer à améliorer l'efficience de nos filières.

Porteaires du programme :



Quels indicateurs pour mettre en place une évaluation génétique bovine de la résistance au parasitisme ?

GIVERNI – R&D – 2022/2026
534 K€ dont 364 K€ financés par APIS-GENE



variabilité de l'acquisition de cette immunité entre les animaux laisse entrevoir l'existence d'un facteur génétique, et la perspective d'un levier de lutte alternatif aux traitements anthelminthiques, auxquels les parasites développent certaines résistances et qui ont une écotoxicité élevée.

Gérer le parasitisme nécessite alors de développer une nouvelle approche combinant plusieurs moyens de contrôle, alliant génétique, conduite du troupeau et traitements. Ainsi, le programme de recherche GIVERNI ambitionne de développer une évaluation génomique de la résistance aux strongyloides et d'élaborer de nouvelles stratégies durables de contrôle intégré des strongyloides bovines.

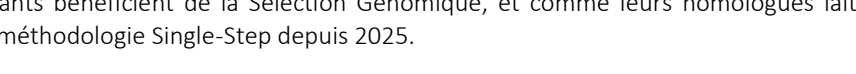
Après deux campagnes de prélèvements (sang, fèces et salive) en 2024 et 2025, **plus de 2 700 génisses Holstein issues de plus de 140 élevages des réseaux GDS Grand-Ouest et Innoval constituent actuellement une première population de référence** sur laquelle capitaliser les résultats pour développer les évaluations génomiques. Afin de définir l'indicateur ou la combinaison d'indicateurs la plus pertinente en termes de stratégie de sélection, quatre marqueurs ont été privilégiés. Trois d'entre eux sont connus et utilisés en routine : le nombre d'œuf excrétés dans les fèces et le niveau de pepsinogène, qui sont des marqueurs de résistance individuels aux parasites, et des immunoglobulines G dirigées contre les strongyles, ou IgG, qui sont des marqueurs de l'infestation parasitaire du lot. L'originalité de GIVERNI réside aussi dans l'étude d'une immunoglobuline A spécifique (IgA carLA) analysée comme marqueur de la résistance au parasitisme, qui semblait prometteur dans des publications scientifiques récentes. L'analyse de ce marqueur nécessite des technologies qui ne sont pour l'instant réalisées qu'en Nouvelle-Zélande. Les échantillons de salive prélevés ont donc été expédiés dans l'hémisphère sud pour être analysés. « Après analyse, nous avons pu nous rendre compte que les IgA carLA sont très sensibles à la durée entre la fin de l'exposition aux strongles (entrée stable) et le moment du prélèvement. Les taux descendent très vite et sont rapidement en dessous des seuils de détection si le prélèvement tarde un peu trop, le niveau de réactivité demandé est trop important pour qu'il soit envisageable d'utiliser cet indicateur en routine » explique Pauline Martin (INRAE), coordinatrice du programme. Pour le pepsinogène, le constat est similaire et sans appel : cet indicateur est également trop sensible aux conditions environnementales. Dans le cadre d'une collaboration inédite, généticiens et chercheurs en parasitologie se sont alors accordés sur un indicateur, **le nombre d'œufs par gramme de fèces (déterminé par coproscopie), qui se positionne comme le marqueur présentant le meilleur compromis entre fiabilité – un animal qui excrète moins est plus résistant et contamine moins les prairies - et facilité de collecte** pour obtenir les données suffisantes pour réaliser le calculs d'index génomiques.

Les analyses génétiques ont néanmoins été menées sur les quatre indicateurs et ont révélé des héritabilités modérées pour le caractère, à l'exception des IgA, qui ont des héritabilités faibles. Des régions du génome ont également été identifiées : dans le cas du pepsinogène, un gène du chromosome 23 qui code pour une protéine gastrique se positionne comme un candidat très prometteur.

Le développement d'une évaluation pilote sur le caractère « nombre d'œufs excrétés » est en cours. « Cette évaluation tourne et est bien rodée, mais elle n'est pas encore assez fiable, les CD sont trop faibles, pour qu'elle soit déployable. Il faudra poursuivre le phénotypage pour augmenter la taille de la population de référence et ainsi améliorer sa précision », conclut Pauline Martin. En parallèle, des scénarios de stratégie de gestion intégrée du parasitisme intégrant ce volet génétique sont en cours d'élaboration.

A termes, ils apporteront aux éleveurs des outils supplémentaires de gestion du pâturage.

Porteaires du programme :



Les catégories morphocinétiques des embryons, de potentiels leviers d'efficience pour les élevages ?

CineMorE – Finalisation – 2021/2025
387 K€ dont 307 K€ financés par APIS-GENE

La qualité des embryons est un prérequis nécessaire pour améliorer leur déploiement et optimiser les taux de gestation, qui plafonnent à 40% pour des embryons produits *in vitro*. La mise en place d'outils prédictifs de la qualité embryonnaire en place un réseau de techniciens en charge des transferts embryonnaires. Ce réseau a été largement mobilisé selon leur apparence morphologique (aspect, stade de développement adéquat) en suivant la classification IETS (*International Embryo Technology Society*). L'analyse morphocinétique consiste à suivre la morphologie des embryons au cours des premières étapes de la division cellulaire en les photographiant à un intervalle régulier de 15 minutes sur les 7 premiers jours de culture en laboratoire. Non-invasive et facilement applicable sur le terrain, cette technologie se positionne comme un nouvel indicateur de choix de la qualité embryonnaire.

Certains programmes antérieurs financés par APIS-GENE et menés par ELIANCE et INRAE ont contribué à établir quatre profils de développement embryonnaires : A, B, C ou D.

Dans la continuité de ces travaux de recherche, le programme CineMorE ambitionnait de **valider à grande échelle la pertinence de la morphocinétique comme indicateur permettant de discriminer des populations d'embryons conduisant à des taux de gestation contrastés**.

Grâce au partenariat étroit avec les entreprises de sélection AURIVA-Elevage et ELITEST, permettant à la fois d'accéder à des femelles Holstein d'intérêt, mais également de mettre en place un réseau de techniciens en charge des transferts embryonnaires. Ce réseau a été largement mobilisé pour réaliser près de 300 transferts embryonnaires à partir des 490 embryons qui ont été produits dans le cadre du programme, chaque élevage recevant au minimum 4 embryons, un de chaque catégorie morphocinétique. 80 vœux sont nés de ces transferts. « Traditionnellement, seuls les embryons de qualité optimale (Q1) sont transférés. Dans CineMorE, nous avons transféré des embryons Q1 et Q2 afin de challenger les 4 profils morphocinétiques établis sans biais initial », explique Sophie Lancelin (ELIANCE), coordinatrice du programme. Les résultats, pris dans l'ensemble, sans distinction de catégories morphocinétiques, correspondent aux résultats de transfert d'embryons produits *in vitro* et congelés : un faible taux de gestation avant 45 jours (36%), un faible taux de naissance (27%). « Ces résultats étaient attendus car CineMorE a été réalisé avec des embryons représentatifs de ceux normalement utilisés dans les transferts d'embryons produits *in vitro* sans sélection spécifique, et en condition terrain », complète Sophie Lancelin.

VERS UNE CARACTÉRISATION DES 4 CATÉGORIES MORPHOCINÉTIQUES

Le suivi technique mené sur ce réseau de receveuses a permis de définir des caractéristiques spécifiques propres à chaque catégorie morphocinétique, notamment en ce qui concerne les stades des pertes embryonnaires et/ou fœtales mais surtout le taux de vœux nés et vivants de chacune des catégories. « **Les embryons de catégorie B et C s'avèrent être**

les plus intéressants, présentant de meilleures performances globales en termes d'établissement, de maintien de la gestation et vitalité des vœux », complète la coordinatrice du programme. Les embryons de catégorie A vont induire une plus forte mortalité embryonnaire en début de gestation, et un nombre plus important de vœux morts nés a été relevé après transplantation d'embryons de catégorie D. **La sélection des embryons selon les catégories morphocinétiques permettrait d'améliorer de près de 8% les performances post transfert en utilisant sans crainte des embryons Q1 et Q2.**

LA CATÉGORIE MORPHOCINÉTIQUE DES EMBRYONS, UN POTENTIEL LEVIER ÉCONOMIQUE POUR LES ÉLEVAGES ?

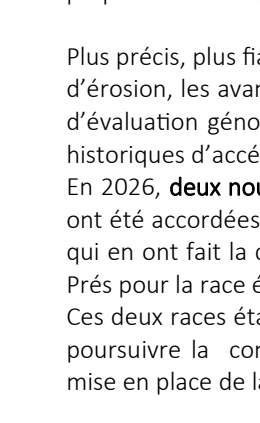
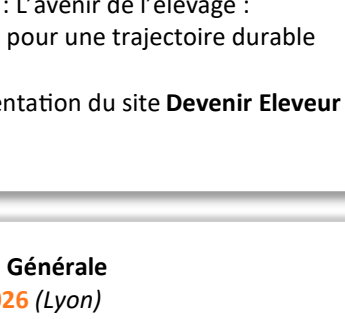
Dans les conditions de CineMorE, une économie, provenant majoritairement de la réduction des pertes gestationnelles et néonatales et donc la réduction de phases d'élevage improductives, pouvant atteindre **11 %** sur la production de vœux vivants serait réalisable pour les éleveurs si une sélection des embryons basée sur la morphocinétique était appliquée avant le transfert. En revanche, l'impact économique serait plus modéré pour les laboratoires de production d'embryons qui devraient s'équiper du matériel spécifique nécessaire, souvent très onéreux.

CineMorE a permis de valider l'intérêt des catégories morphocinétiques comme indicateur de qualité des embryons. Afin de renforcer ces résultats et notamment compléter les données sur le suivi des gestations pour réinjecter des données plus robustes, une étude complémentaire sera nécessaire avant d'envisager tout déploiement de l'outil sur le terrain.



© ELIANCE

Porteaires du programme :



Corentin Fouéré



C. Hozé & S. Fritz (ELIANCE),
M.-P. Sanchez, D. Boichard &
M. Boussaha (INRAE)

GenEpi, à la croisée des chemins entre génétique et épigénétique pour mieux comprendre le fonctionnement du génome

Si la génétique définit la partition, l'épigénétique correspond à l'ensemble des facteurs - qualité des instruments, acoustique de la salle, expérience du musicien - qui modulent l'expression de cette partition et déterminent la manière dont elle est interprétée. Les interactions entre ces deux disciplines sont donc étroites. Avec ses quelques 3,2 millions de génotypes à disposition, des pedigrees connus sur plus de 10 à 20 générations, et grâce à l'amélioration des technologies d'asatation du génome, les bovins se positionnent comme un modèle de choix pour étudier les interactions entre génétique et épigénétique.

Sans modifier la séquence d'ADN, les mécanismes épigénétiques vont venir impacter l'expression des gènes, définissant comment ils vont être utilisés par les cellules. Trois mécanismes sont particulièrement étudiés : la modification des histones, la méthylation de l'ADN et certains ARN non codants. Les marques épigénétiques peuvent être transmises à la génération suivante au moment de la division cellulaire, ou mitose.

Afin d'apporter de nouvelles connaissances sur les liens entre génétique et épigénétique chez les bovins laitiers, la thèse GenEpi, réalisée par Corentin Fouéré (ELIANCE), s'est intéressée à plusieurs mécanismes à la croisée de ces deux disciplines pour apporter de nouveaux éléments de compréhension sur le fonctionnement du génome. A l'interface des programmes POLYPHEME (cofinancement APIS-GENE-ANR) et RUMYGEN (H2020), la thèse visait notamment à **évaluer l'impact de l'intégration de l'information épigénétique dans les évaluations génétiques**.

UN IMPACT FAIBLE DES FACTEURS PRÉNATAUX SUR LES PERFORMANCES DES DESCENDANTS

Un large panel de facteurs intervenant durant le développement fœtal et pouvant affecter les performances futures ou la santé des individus ont été étudiés en races Holstein et Montbéliarde : des facteurs paternels (éjaculat, âge du taureau, stress thermique), des facteurs liés aux technologies de la reproduction comme l'utilisation de semence sexée, des facteurs maternels (âge au 1^{er} vêlage, parité, stress thermique, ...) ou encore des caractères directement mesurés chez la descendante. **Ces effets prénataux non génétiques semblent avoir un impact faible sur les performances des descendants**. « L'impact de ces facteurs sur les phénotypes mesurés en routine est de l'ordre de 1 à 2%. C'est révélateur de la robustesse des modèles d'évaluation actuels, qui, finalement, intègrent déjà les principaux effets non génétiques » explique Corentin Fouéré.

DE NOUVELLES CONNAISSANCES SUR LA RÉGULATION GÉNÉTIQUE DE LA MÉTHYLATION DE L'ADN

Pour comprendre certains caractères complexes, la méthylation du spermatozoïde, qui est à la base de la diffusion du potentiel génétique, a été



Articles scientifiques :

- [Corentin Fouéré et al., Genet Sel Evol. \(2024\)](#)
- [Corentin Fouéré et al., J Dairy Sci. \(2024\)](#)
- [Auréli Vinet et al., J Dairy Sci. \(2024\)](#)
- [Corentin Fouéré et al., BMC Genomics \(2025\)](#)

VALORISATION

Des index Single-Step pour la Rouge des Prés et la Parthenaise

Depuis 2015, les bovins allaitants bénéficient de la Sélection Génomique, et comme leurs homologues laitiers, d'évaluations génomiques calculées avec la méthodologie Single-Step depuis 2025.

Là où les méthodologies classiques d'évaluations génomiques nécessitaient deux étapes de calcul, le Single-Step, en combinant en une seule et même étape les données génomiques, les pedigrees et les données phénotypiques, permet de rendre un index unique. Le déploiement de cette méthodologie résulte principalement des travaux de l'UMT eBIS (INRAE, Idele et ELIANCE), avec le soutien des professionnels. D'abord, un logiciel de calcul des index a été développé par les équipes de recherche INRAE, évalué et complété pour s'adapter à toutes les races bovines dans le cadre du programme ASAP (2019-2022) financé par APIS-GENE, avant d'être transféré pour mise en production chez GenEval qui assure le calcul de l'indexation officielle en France. Enfin, le programme UNIGENO (CASDAR RT) piloté par Idele et GenEval a permis de faire un test à grande échelle et de finaliser la préparation au déploiement.

Plus précis, plus fiable, moins de biais de sélection, amélioration de la qualité de l'évaluation grâce à l'intégration d'un facteur dit d'érosion, les avantages du Single-Step sont nombreux. Cette méthodologie, qui devient progressivement le standard en terme d'évaluation génomique à l'international, permet à des races qui n'ont pas assez de données pour bénéficier des évaluations historiques d'accéder désormais aux indexations.

En 2026, **deux nouvelles races ont pu activer la Sélection Génomique : la Rouge des Prés et la Parthenaise**. Des licences de droit ont été accordées aux Organismes et Entreprises de Sélection ayant contribué à la constitution de la population de référence et qui en ont fait la demande, à savoir l'OS France Parthenaise et SYNETICS France pour la race Parthenaise, et la SICA Rouge des Prés pour la race éponyme.

Ces deux races étaient en effet parties prenantes du programme GeMBAL (ANR - APIS-GENE). Leurs efforts de génotypage pour poursuivre la constitution de populations de référence combinés aux évolutions méthodologiques ont permis d'atteindre la mise en place de la Sélection Génomique pour leurs races depuis ce début d'année 2026.

Comme pour nombre d'autres races, ces index viennent compléter les tests sur anomalies dont bénéficient déjà les éleveurs et qui nécessitent un génotypage. C'est notamment le cas pour la Parthenaise, qui dispose depuis plusieurs années d'outils génétiques pour gérer spécifiquement l'ectoparasitisme.

L'ouverture de ces licences se positionne comme un nouveau socle pour des caractères d'intérêt pour les races allaitantes, comme la qualité de viande en Rouge des Prés, ou encore l'efficiencia alimentaire.

© ELIANCE

CALENDRIERS

Réunions



Comité Stratégique
• 19 mars 2026

Assemblée Générale
• 30 juin 2026



Comité opérationnel élargi n°2
4 fév. 2026 (Angers)

Comité de Pilotage n°6
24 mars 2026 (Paris)



Assemblée Générale
18 mars 2026 (Lyon)



Biennales du réseau F@rmXP
3 fév. 2026 (Rennes)

Grand Angle Lait
20 mai 2026 (Paris et antennes Idele en région)

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

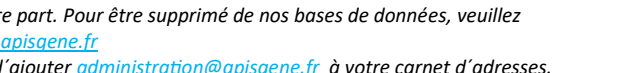


Webinaire : eBIS actu
Qualité des produits (fromageabilité et persillé) - programmes FROM4ALL et CARTOPERSILLE
09 avr. 2026 - 14h/15h30



Webinaire UMT STAR
Etudes génétiques de données à l'échelle de la carrière en petits ruminants
26 mars 2026 à 14h

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