Les organismes participant au Groupement d'Intérêt Scientifique "Cryobanque nationale"

LA LETTRE DE LA CRYOBANQUE NATIONALE

NUMERO 19

CONTACT: Secrétariat exécutif de la Cryobanque nationale
Delphine DUCLOS, Institut de l'Elevage, Département Génétique 149 rue de Bercy 75595 Paris Cedex 12
Tél.: 06 98 19 88 66 – **mél**: delphine.duclos@idele.fr
Site Internet: http://www.cryobanque.org

Avec le soutien financier de
Avec la contribution financière du compte d'affectation spéciale développement agricole et rural CASDAR
MINISTÈRE DE L'AGRICULTURE, DE L'AGRO-ALIMENTAIRE ET DE LA SOUVERAINETÉ ALIMENTAIRE

Edito de Michèle Tixier-Boichard (INRAE), présidente de la Cryobanque

Ce n'est pas sans une certaine émotion que j'écris cet éditorial pour la dernière fois, car je vais passer la main à la présidence du Conseil de Groupement, 15 ans déjà, je n'ai pas vu le temps passer ! Mais l'âge de la retraite sonne pour moi en 2026. Donc c'est l'occasion de remercier tous les collègues du site primaire, des sites secondaires, les membres du conseil de groupement, tout autant de personnes motivées par la connaissance et la conservation des ressources génétiques animales, de la vache à l'abeille. Je suis particulièrement fière de la solidité du cœur du management du site primaire, Delphine Duclos, Laurence Guilbert-Julien et David Briganti, qui sont maintenant rôdés à l'audit de certification, à l'amélioration continue, et plus on s'améliore plus l'audit devient exigeant…et instructif. La Cryobanque nationale n'est que mieux reconnue à l'échelle européenne et par la FAO, notamment grâce à la contribution de Delphine au groupe de travail 'Ex situ' et son action sur le management de la qualité. Si je souligne l'intérêt du management par la qualité, c'est parce que la **cryobanque gère des ressources précieuses, qui méritent d'être connues et utilisées au mieux.** C'est ce que vous découvrirez dans l'article de Alicia Jacques présentant différentes options d'utilisation de semence conservée, pour les petites comme les grandes populations animales, en conservation ou en sélection. Pour faire les bons choix à l'entrée en cryobanque, il faut bien connaître la diversité présente, c'est ce qui est illustré dans l'article de Yumi Shakya avec le cheval, ses races de trait et ses races de territoire dans le cadre du projet DIVEQUID mis en place avec l'IFCE. **Dans tous les cas, pensez à la cryobanque avant d'éliminer des paillettes anciennes !**

En 2025, le GIS CRB-Anim succède au consortium mis en place pour créer l'infrastructure CRB-Anim (2012-2022) et a tenu la première réunion de son conseil de groupement, où la cryobanque est représentée par Idele. Eh oui, un GIS représenté dans un autre GIS, pourquoi pas, c'est la souplesse du GIS. Le conseil scientifique de CRB-Anim a été relancé avec ses groupes espèces, et sa réunion du 18 juin a permis de réfléchir à une question qui a longtemps préoccupé les partenaires de CRB-Anim : la cryoconservation de la semence peut-elle affecter les performances des descendants, via des mécanismes épigénétiques ? La présentation de Corentin Fouéré en a rassuré certains ou surpris d'autres : chez les bovins où une grande base de données permet d'étudier l'effet de l'éjaculat sur la performance des filles d'un même taureau, on ne constate pas d'effet notable, donc pas de raison de s'inquiéter, le matériel en cryobanque peut être utilisé sans inquiétude sur l'épigénétique, au moins pour les bovins.

Alors il reste du pain sur la planche, bien sûr, on ne s'ennuie jamais à la Cryobanque : le plan stratégique national, la parution du décret 2025-441 (relatif à la reproduction, à l'amélioration et à la préservation du patrimoine génétique des animaux d'élevage) qui entrainera l'actualisation de la convention de notre GIS, avec un nouveau rôle pour INRAE, et, encore et toujours…l'adhésion souhaitée au réseau européen EUGENA.

Je passe la main avec plaisir et sérénité à Gwendal Restoux pour conduire la suite en complicité avec tous les membres du conseil de groupement. Bonne chance à tous !

COMMENT UTILISER LES RESSOURCES GENETIQUES EN CRYOBANQUE POUR LES POPULATIONS EN SELECTION OU EN CONSERVATION ?

Article publié dans JABG, https://doi.org/10.1111/jbg.70000
Alicia JACQUES, Michèle TIXIER-BOICHARD, Gwendal RESTOUX

La diversité génétique est primordiale pour l'adaptation des populations animales. Les collections cryoconservées sont un levier stratégique pour ralentir l'érosion de la variabilité génétique, réorienter des schémas de sélection ou encore préserver des ressources uniques pour une utilisation future. Cependant, leur utilisation reste encore très limitée en raison d'un manque de recommandations opérationnelles. Dans ce contexte, notre étude s'appuie sur des simulations pour fournir des recommandations d'utilisation de ces ressources génétiques *ex situ* à la fois pour les populations en sélection et pour les populations soumises à un programme de conservation. L'objectif est de définir les stratégies d'utilisation les plus efficaces selon l'objectif visé (i) maintien de la diversité génétique ou (ii) prise en compte d'un compromis entre progrès génétique et diversité.

Les programmes de gestion des populations ont été simulés avec le package R MoBPS (Pook et al., 2020), développé au cours du projet européen IMAGE. Deux caractères, Trait 1 et Trait 2, d'héritabilité 0,4, en corrélation génétique négative de -0,3 ont été considérés et quatre scénarios ont été simulés à partir de 500 fondateurs (250 par sexe). Le scénario **rm** correspond à un choix aléatoire des parents parmi les candidats, le scénario **max_BV** correspond à un choix des parents qui maximise le gain génétique sur un indice synthétique combinant les deux caractères avec un poids plus élevé pour le trait 1, le scénario **max_GD** correspond à un choix des parents qui minimise la perte de diversité génétique tout en permettant du progrès génétique et le scénario **OCS** correspond à un choix des parents qui maximise le gain génétique sous la contrainte d'une augmentation maximale de la parenté de 0,5% par génération. Nous avons étudié trois valeurs de prolificité : 1, 2 ou 10 descendants par couple, afin de couvrir la majorité des espèces de bétail (chevaux, ruminants et porcs). Pour les populations en sélection, nous avons également étudié le cas d'un changement d'objectif de sélection plus ou moins important. Enfin, ces scénarios ont été simulés soit uniquement avec les individus contemporains, soit en ayant à disposition une collection *ex situ* composée de 40 individus cryoconservés.
Deux étapes de génération de données ont été effectuées pour créer une structure de population et constituer la collection cryoconservée, avant d'appliquer les scénarios aux générations 20 à 35 :

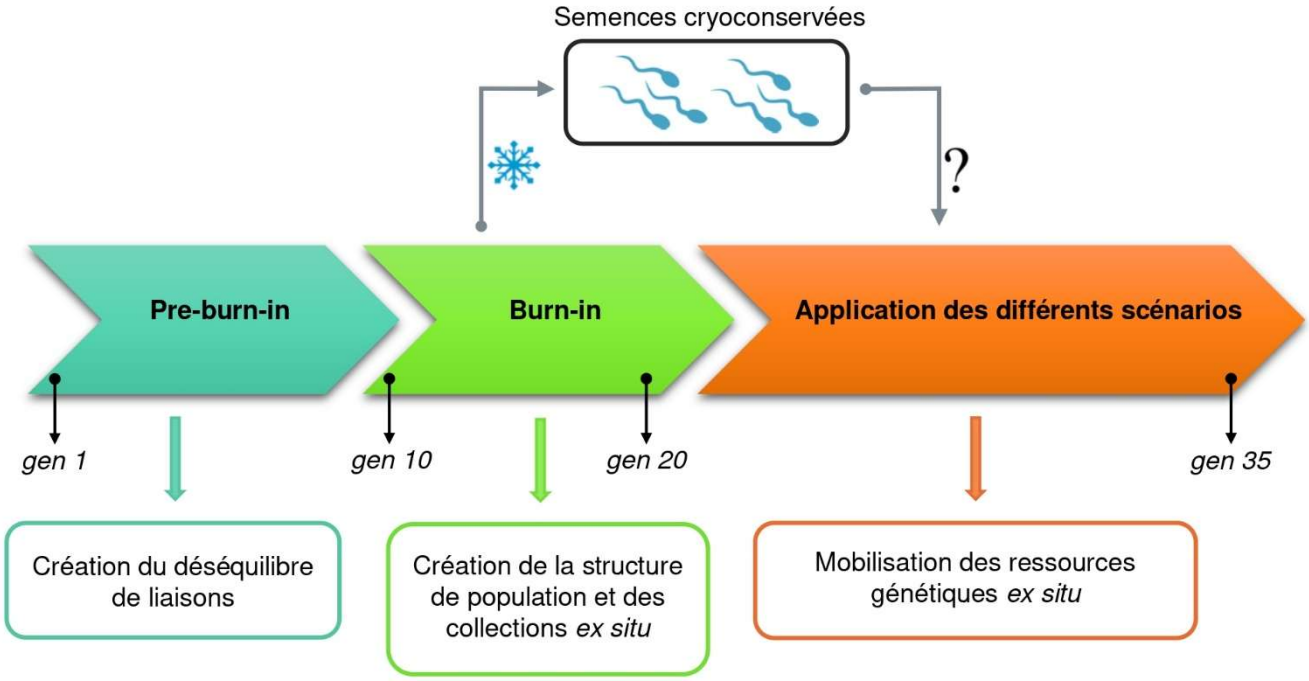


Figure 1 *:* Les différentes étapes de simulations.

Les populations soumises à un programme de conservation sont étudiées par les scénarios ***rm*** et ***max_GD*** où les mâles conservés en cryobanque sont utilisés régulièrement, à chaque génération. Il en résulte un ralentissement de l'érosion de la variabilité génétique, la conservation d'allèles rares et le maintien du niveau d'hétérozygotie.

La figure 2 montre ainsi une augmentation plus faible de la parenté avec l'utilisation de ressources cryoconservées (courbe en pointillé) pour les scénarios ***rm*** et ***max_GD***. L'écart entre les scénarios avec ou sans utilisation des ressources cryoconservées est plus important pour une prolificité de 10.

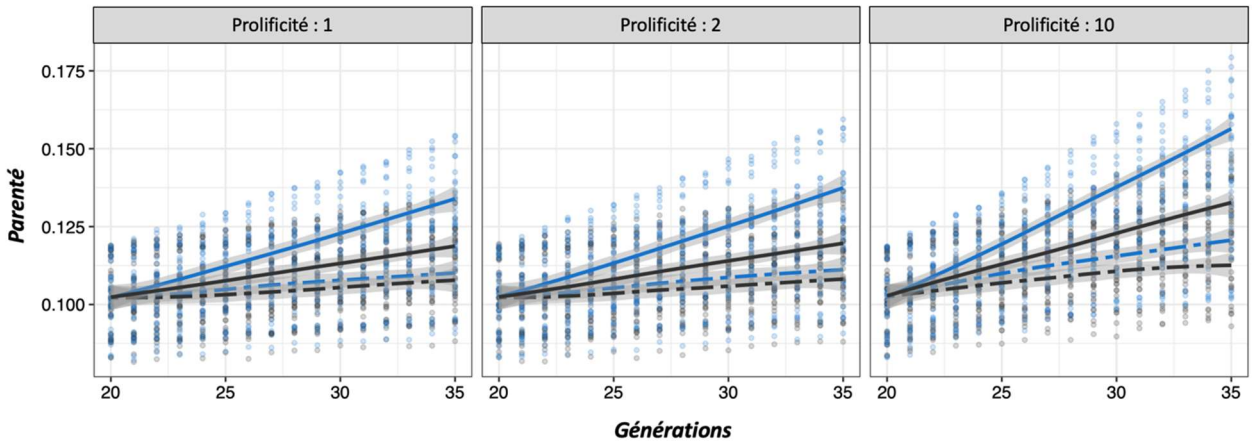


Figure 2 *:* Évolution de la parenté des deux scénarios, avec et sans utilisation des ressources génétiques cryoconservées, pour une population en conservation.

Les lignes pleines et pointillées représentent respectivement les résultats sans et avec utilisation de collections ex situ. Le scénario d'accouplement aléatoire (rm) est représenté en noir et le scénario qui maximise la diversité génétique tout en permettant un léger progrès génétique (max_GD) est représenté en bleu.

Les populations en sélection sont étudiées par les scénarios ***max_BV*** et ***OCS***. Deux cas sont distingués : changement d'objectif de sélection ou pas.

S'il n'y a pas de changement d'objectif de sélection, les simulations montrent que l'utilisation des mâles conservés en cryobanque reste rare, mais la prise en compte de la diversité dans le scénario ***OCS*** conduit à utiliser un peu plus de mâles de la cryobanque que ne le fait le scénario ***max_BV***, qui ne considère que le progrès génétique. L'introduction des mâles de la cryobanque ralentit l'augmentation de la consanguinité et limite la dégradation du trait 2 dont la pondération dans l'index est inférieure à celle du trait 1, si bien qu'il n'y a pas d'effet de l'introduction de mâles de la cryobanque sur l'index de sélection.

En revanche, s'il y a un changement important d'objectif de sélection, par exemple en inversant les pondérations des deux traits en faveur du trait 2, alors on observe une utilisation plus importante des mâles de la cryobanque, avec une persistance de leur descendance dans les générations suivant leur introduction. L'utilisation de ces mâles ralentit la perte de variabilité génétique dans le scénario ***max_BV***, mais ce n'est pas le cas pour le scénario ***OCS***, car celui-ci prend déjà en compte la diversité génétique et le progrès génétique pour optimiser le choix des reproducteurs.

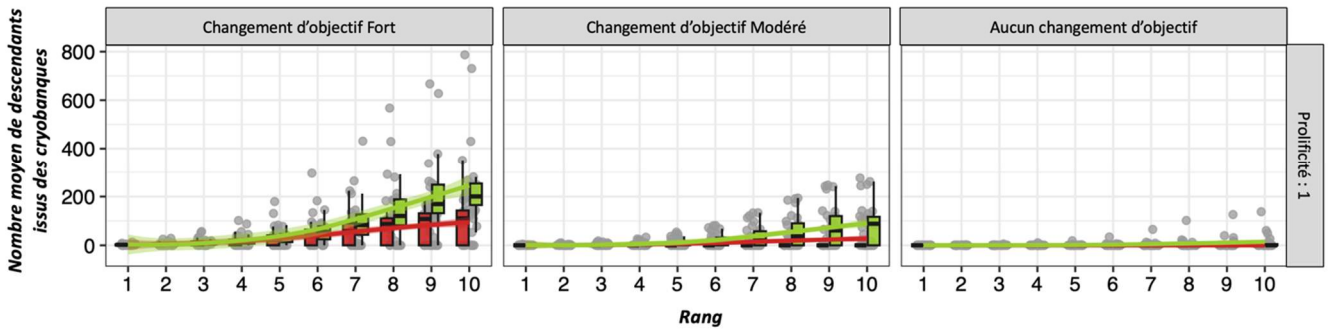


Figure 3 *:* Évolution de la descendance des individus cryoconservés dans une population en sélection selon l'intensité du changement d'objectif de sélection.

L'axe des abscisses correspond au rang généalogique des individus par rapport à leurs ancêtres issus des collections ex situ (c'est-à-dire rang 1 pour les enfants, rang 2 pour les petits-enfants, rang 3 pour les arrière-petits-enfants, etc). Le scénario qui maximise le gain génétique (max_BV) est représenté en rouge et le scénario qui maximise le gain génétique sous une contrainte de diversité génétique (OCS) est représenté en vert. Chaque scénario a été répété 20 fois et chaque point gris correspond à un réplica.

L'utilisation des ressources génétiques *ex situ* dépend donc de l'objectif des gestionnaires d'une population. Ainsi, nous pouvons définir des recommandations concrètes selon ces objectifs :

- Pour un programme de conservation, une utilisation régulière des ressources génétiques semble le moyen le plus efficace pour ralentir la perte de diversité ; cela suppose que de nouvelles collectes soient réalisées afin de ne pas épuiser le stock.
- Pour les populations en sélection, une réintroduction ciblée de diversité permet de générer de la variabilité utile, à condition de connaître et de mettre à jour les valeurs génétiques des mâles en cryobanque et d'avoir constitué la cryobanque avec un choix judicieux de mâles.

En conclusion, les collections cryoconservées constituent bien plus qu'une assurance en cas d'extinction de population. Elles peuvent jouer un rôle actif et stratégique dans la gestion des populations *in situ*. Alors que ces ressources génétiques animales sont disponibles dans la Cryobanque Nationale Française, elles sont encore trop peu utilisées. Notre étude démontre qu'une utilisation de ressources génétiques cryoconservées permet de mettre en place des stratégies adaptées à chaque population, et de s'appuyer sur des méthodes et des outils déjà disponibles en gestion de population (évaluation génomique, OCS). Il faut noter que cette étude considère un stock de 40 mâles en cryobanque, ce qui n'est pas le cas actuellement pour toutes les races. Elle a porté sur la semence, mais d'autres matériels biologiques peuvent être utiles en fonction de la biologie de l'espèce.

Les travaux se poursuivent afin d'optimiser la constitution des collections en cryobanque pour qu'elles permettent de répondre aux besoins futurs des sélectionneurs et gestionnaires des populations dans une optique de durabilité.

ÉTUDE DE LA DIVERSITE ET DE L'HISTOIRE DES RACES FRANÇAISES DE CHEVAUX DE TRAITS ET DE TERRITOIRES A PARTIR DE DONNEES MOLECULAIRES

Yumi Shakya[1], Clémentine Bonnin[2], Sophie Danvy[3], Bernard Dumont Saint Priest[3], Éric Rousseaux[2], Margot Sabbagh[3], Étienne Verrier[1], Bertrand Servin[4] et Gwendal Restoux[1]

[1] GABI (UMR 1313), GiBBS, INRAE, AgroParisTech, Université Paris-Saclay
[2] Société Française des Équidés de Travail et de Territoire, SFET
[3] Institut français du cheval et de l'équitation, pôle développement, innovation et recherche
[4]GenPhyse (UMR 1289), CHAMADE, INRAE, Toulouse

Photo 1 : Chevaux au pâturage en montagne (Crédit : Gwendal Restoux)

Les équidés de travail ont joué un rôle majeur dans le développement social et économique de la France, comme en attestent de nombreux documents historiques. Les nombreuses races locales françaises de chevaux de trait, étroitement liées à leurs territoires d'origine et aux pratiques agricoles qui y étaient associées, constituent aujourd'hui un patrimoine génétique et culturel exceptionnel qu'il est essentiel de préserver et de transmettre. Cependant, la mécanisation de l'agriculture a progressivement entraîné le déclin de l'usage de la force animale,

cantonnant l'emploi des chevaux principalement aux domaines des courses, du sport et des loisirs. Cette évolution a provoqué une baisse importante des effectifs des races de travail, dont la plupart sont désormais menacées d'abandon. En particulier, le faible nombre de reproducteurs accentue le risque d'une hausse rapide de la consanguinité, ce qui pourrait aggraver la situation de ces races en augmentant la fréquence d'anomalies génétiques susceptibles d'affecter la santé et/ou les performances des animaux.

Face à ce constat, la France a mis en place plusieurs programmes de conservation *in situ*. Certains visent à optimiser les accouplements afin de limiter la progression de la consanguinité (outil *Cupidon*, SFET, IFCE), tandis que d'autres ont pour objectif d'évaluer régulièrement la diversité génétique des races (programme *VARUME*, Idele, IFCE). De même, la conservation *ex situ*, en cryobanque, permet aussi la conservation de ce patrimoine. Cependant, quelles que soient les approches considérées, il est nécessaire de caractériser ces populations et ceci se fait principalement sur la base d'informations généalogiques, ce qui pose deux limites majeures : 1 - les pedigrees peuvent être incomplets ou imprécis, et 2 - les évaluations individuelles demeurent approximatives, car elles se fondent sur des valeurs attendues et non sur la consanguinité réelle ou les liens de parenté effectifs.

Photo 2 : Chevaux Cobs Normands (Crédit : Nelly Genoux)

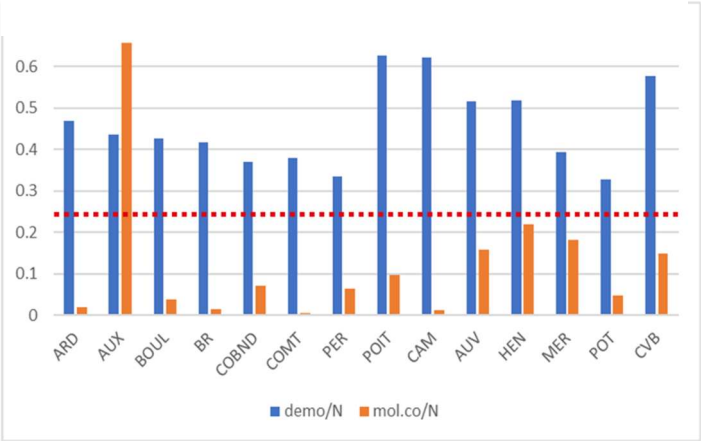
Les outils génomiques représentent donc une opportunité précieuse et désormais abordable pour compléter ces approches et améliorer la gestion de la diversité génétique. De plus, ceci permettrait aussi d'améliorer la conservation *ex situ*, via la cryobanque, en permettant de : 1 - mieux prioriser les entrées en collection (i.e. afin d'éviter les redondances), et 2 – utiliser les collections de la cryobanque de manière plus efficace pour soutenir la diversité des populations sur pieds (i.e. quel donneur sur quel receveur ?).

Dans notre étude, nous avons utilisé une puce de génotypage afin d'évaluer la capacité de ces outils à caractériser et gérer plus finement la diversité génétique des races françaises d'équidés de travail avec 3 objectifs : 1- Reconstruire les pedigrees incomplets, 2 - Évaluer la diversité génétique intra-raciale (par exemple : taille efficace, coefficient de consanguinité, apparentement, etc.), et 3 - Retracer l'histoire et les relations entre races, qu'il s'agisse de croisements anciens ou récents.

Dans cette optique les chercheurs ont utilisé des échantillons sanguins issus de 550 chevaux, répartis en 17 races françaises d'équidés de travail et de territoire (environ 30 individus par race) : Trait Ardennais (ARD), Trait Auxois (AUX), Trait Boulonnais (BOU), Trait Breton (BR), Cob Normand (COBND), Trait Comtois (COMT), Percheron (PER), Trait Poitevin Mulassier (POIT), Cheval de Camargue (CAM), Cheval Castillonnais (CAST), Cheval d'Auvergne (AUV), Cheval Corse (CC), Henson (HEN), Poney Landais (LAND), Mérens (MER), Pottok (POT) et Cheval du Vercors de Barraquand (CVB). L'ADN extrait des échantillons a été génotypé à l'aide d'une puce multi-espèces (*IMAGE 001, Affymetrix 10K*). Après un contrôle qualité et un filtrage des données brutes le jeu de données comprenait 7 413 SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms). Plusieurs indicateurs de diversité génétique ont été calculés, tels que la taille effective (Ne) — qui reflète le niveau global de diversité au sein des populations — et les coefficients individuels de consanguinité (F) selon différentes approches méthodologiques. Finalement, des arbres phylogénétiques basés sur les similarités génétiques observées ont été reconstruits ainsi que les flux de gènes correspondants.

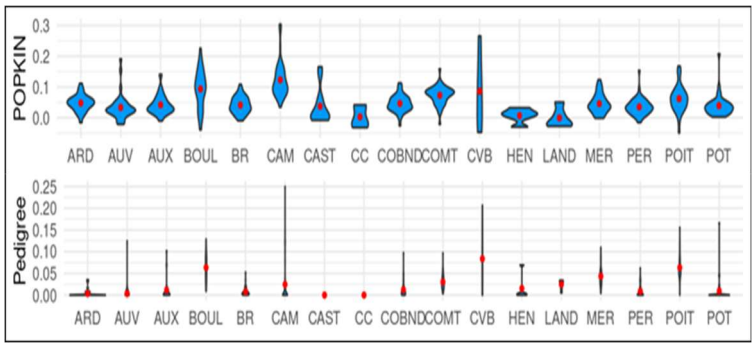
Les outils génomiques ont permis d'évaluer avec précision la diversité génétique des races françaises d'équidés de travail. Celle-ci s'est révélée modérée, avec des tailles effectives (Ne) relativement faibles (figure 1) et des niveaux de consanguinité compris entre 4 % et 16 %, plus élevés que ceux estimés à partir des pedigrees, en raison de leur incomplétude (figure 2).

Figure 1 : Rapport de l'effectif génétique Ne sur l'effectif réel N de chaque race



Les barres correspondent aux rapports des effectifs génétiques (Ne) calculés à partir de données démographiques (bleues) ou moléculaires (orange) sur les effectifs réels (N). La ligne en pointillés rouges correspond à la limite attendue pour permettre le maintien et l'évolution des populations.

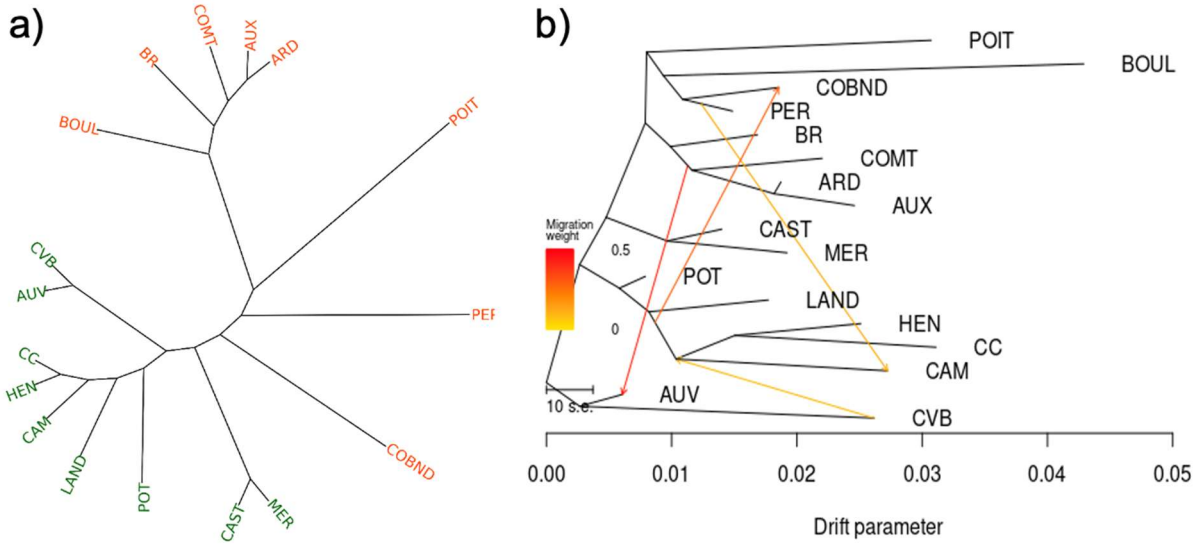
Figure 2 : Distribution des valeurs des coefficients de consanguinité pour chaque race



Pour chaque race indiquée en abscisse sont représentées la distribution des valeurs en ordonnées (en bleu) ainsi que la valeur moyenne (points rouges). Plus la forme bleue est large, plus il y a d'individus autour de cette valeur. Chaque ligne correspond à un modèle d'évaluation de la consanguinité différent (pedigree en bas, moléculaire en haut)

Les analyses phylogénétiques et d'admixture ont mis en évidence une différenciation nette entre les races de trait et de territoire, ainsi que des proximités génétiques intra-groupes, souvent liées à la géographie (par exemple : Auxois et Ardennais, ou Mérens et Castillonnais) (figure 3a). Enfin, certains échanges historiques entre races ont été détectés, notamment l'influence des races lourdes dans la race de Cheval d'Auvergne (figure 3b), confirmée par des données historiques et des dires d'éleveurs. Finalement, la gestion génétique est globalement maîtrisée malgré la faible diversité observée due aux faibles effectifs sur le terrain.

Figure 3 : Arbres phylogénétiques représentant les relations entre les races



A gauche (a), les couleurs représentent les deux groupes (races de traits en rouge ou de territoires en vert). A droite (b), en plus des relations entre races dues à la divergence au cours du temps (noires), on peut voir les échanges entre races (flèches colorées).

En conclusion, cette étude souligne l'intérêt des marqueurs génomiques pour évaluer la diversité génétique, aussi bien intra- qu'inter-raciale, et pour mesurer l'efficacité des programmes de gestion actuellement en place et les guider mais aussi optimiser la conservation *ex situ* en cryobanque ainsi que sa mobilisation sur le terrain.

ANALYSE GENETIQUE DE LA METHYLATION DE L'ADN SPERMATIQUE BOVIN

Corentin Fouéré, ELIANCE, UMT eBIS, Jouy en Josas

La méthylation de l'ADN est un mécanisme biologique qui permet de moduler l'expression des gènes (et des phénotypes) et qui peut être impacté par l'environnement. Dans des travaux conduits entre l'UMT eBIS (INRAE/IDELE/ELIANCE, Jouy-en-Josas) et l'UMR BREED (INRAE, Jouy-en-Josas), la régulation génétique de la méthylation de l'ADN mesurée dans le sperme de 405 taureaux de race Holstein a été étudiée (cf. Figure 1). Le matériel biologique provenait de paillettes commercialisées (fraction d'éjaculat dilué) conservées dans l'azote liquide.

L'information de méthylation a été obtenue par RRBS (*Reduced Representation Bisulfite Sequencing*). Cette technologie permet d'obtenir une information du statut de méthylation pour ~1,5 million de positions génomiques. La plupart d'entre elles ne présentent pas de variation entre individus (marques méthylées chez tous les taureaux, par exemple). En se concentrant sur les marques présentant un taux de méthylation variable entre taureaux (écart-type > 5 %), ~167 000 marques ont été retenues.

L'héritabilité de ces marques variables était en moyenne de 0,26, avec une forte hétérogénéité. Le contexte génomique a été associé à des différences d'héritabilités : les régions promotrices étaient moins riches en marques de méthylation héritables alors que les régions intergéniques présentaient une héritabilité plus élevée par rapport aux autres régions.

Des cartographies génétiques ont également été réalisées, pour l'ensemble des marques de méthylation variables, révélant plusieurs dizaines de milliers de QTLs de méthylation (ou meQTLs ; régions génomiques associées à la variation de la méthylation d'une marque). Ainsi, pour un tiers des marques, un meQTL situé à courte distance est observé (distance entre le QTL et la marque de méthylation inférieure à 1 Mb). Environ 5 % des marques présentent un meQTL situé à grande distance de leur position génomique (sur le même chromosome ou sur un chromosome différent). En combinant l'ensemble des cartographies, quelques régions du génome montrent une association avec plus de 30 marques de méthylation situées à distance (jusqu'à 553), co-localisant avec des gènes impliqués dans les mécanismes épigénétiques.

Ces travaux montrent que la majorité des marques ne sont pas variables et que la variabilité de l'épigénome spermatique est en partie expliquée par une composante génétique. De plus, ils aident à approfondir notre compréhension des relations entre génome et épigénome dans l'espèce bovine et dans un tissu particulier.

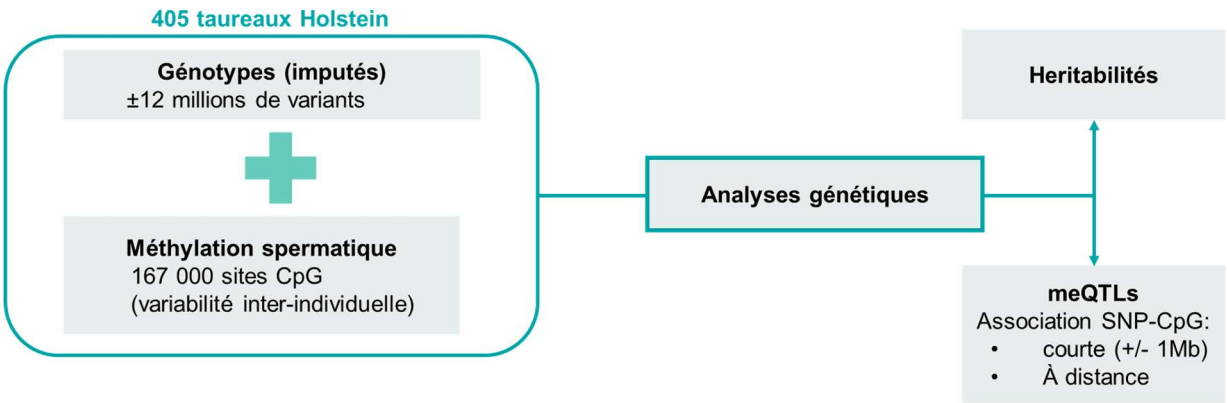


Figure 1 Schéma de l'étude génétique de la méthylation de l'ADN spermatique

<u>*Pour en savoir plus :*</u>

Corentin Fouéré, Valentin Costes, Chris Hozé, Amrita Raja Ravi Shankar, Florian Besnard, Gabriel Costa Monteiro Moreira, Valentin Sorin, Chrystelle Le Danvic, Aurélie Chaulot-Talmon, Francesca Ali, Marie Christine Deloche, Aurélie Bonnet, Eliaou Sellem, Hélène Jammes, Sébastien Fritz, Mekki Boussaha, Didier Boichard, Hélène Kiefer, Marie-Pierre Sanchez. 2025. Genetic regulation of sperm DNA methylation in cattle through meQTL mapping. BMC Genomics, 26:771. doi:10.1186/s12864-025-11934-x

Les taureaux transmettent-ils uniquement du matériel génétique à leur descendance ?

L'insémination artificielle (IA) à partir de semence congelée est largement utilisée chez les bovins laitiers. La collecte massive d'informations sur ces IA, réalisée en routine, permet de retracer l'éjaculat à l'origine de la procréation pour la majorité des vaches laitières (cf. Figure 2) et comprend également la date de collecte du taureau. Il est alors possible de rechercher des différences entre groupes de filles issues d'un même père mais d'éjaculats différents, ou de rattacher des événements paternels (un stress thermique pendant la spermatogénèse, par exemple) aux performances des descendantes. Dans une approche holistique, nous avons mesuré la part de variance éjaculat (non génétique) pour une large gamme de caractères mesurés en routine (liés à la production, à la reproduction, à la morphologie ou à la santé de la mamelle) chez les descendantes. En intégrant des données météorologiques (modèle SAFRAN, Météo-France ; données journalières à une résolution de 8 × 8km), nous avons mesuré, pour ces mêmes caractères, l'effet d'un stress thermique pendant la spermatogénèse (considérée par les deux mois qui précèdent la collecte). Enfin, nous avons aussi étudié l'effet de l'âge des taureaux au moment de la collecte, sur les performances de leurs filles.

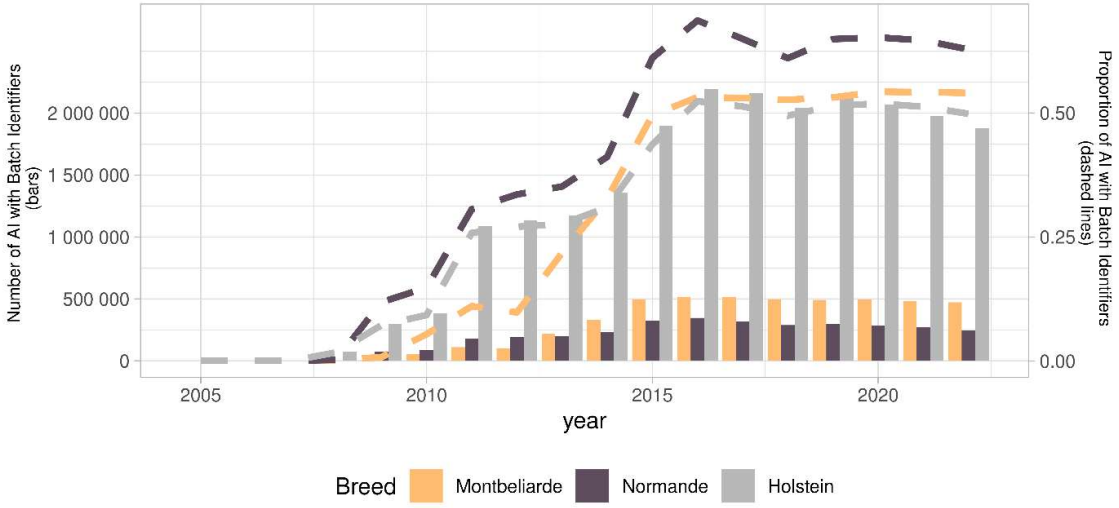


Figure 2 *Information éjaculat dans la base de données nationale bovine pour trois races laitières.*
Gauche *Nombre d'inséminations artificielles (IA) avec suivi de l'information éjaculat (barres).*
Droite *Proportion des IA pour lesquelles l'information de l'éjaculat est disponible (traits en pointillé).*

La part non génétique de variance phénotypique liée à l'éjaculat a été mesurée à partir d'un modèle incluant l'effet génétique de l'animal, l'effet éjaculat et les effets non génétiques classiquement utilisés dans les modèles d'évaluation génétique de routine (un effet du groupe de contemporaines, par exemple). Pour l'effet de l'âge ou du stress thermique, la classe d'âge ou de stress thermique a été ajoutée comme effet supplémentaire dans un modèle d'évaluation génétique, en plus des effets utilisés en routine. Les analyses s'appuyaient sur plusieurs dizaines de milliers (races Montbéliarde et Normande) ou plusieurs centaines de milliers de vaches (race Holstein). Pour la plupart des caractères, la part de variance éjaculat (non génétique) estimée est marginale et non significative : l'information de l'éjaculat n'améliore pas l'ajustement des modèles par rapport à l'information génétique seule. De façon similaire, les effets d'un stress thermique pendant la spermatogénèse et de l'âge des taureaux au moment de la collecte se révèlent faibles sur les performances des descendantes.

Ces résultats montrent que, dans les conditions actuelles, les effets paternels non génétiques sont très limités. Les taureaux d'IA sont des animaux d'élite généralement protégés des conditions d'environnement défavorables. De plus, les paillettes à l'origine des animaux dans les élevages commerciaux présentent des paramètres spermatiques conformes aux critères de diffusion sur le terrain – les éjaculats trop déviants étant écartés à la suite de contrôles réalisés sur la semence fraiche et après décongélation. Ainsi, cette étude indique que les effets paternels non génétiques chez les bovins laitiers sont probablement limités, en raison (1) d'une faible transmission d'information du taureau à sa descendance et/ou (2) d'une exposition limitée des taureaux aux aléas de l'environnement.

Pour en savoir plus :

Corentin Fouéré, Chris Hozé, Florian Besnard, Mekki Boussaha, Didier Boichard, Marie-Pierre Sanchez. 2024. Investigating the impact of paternal age, paternal heat stress, and estimation of non-genetic paternal variance on dairy cow phenotype. Genetics Selection Evolution 56, 46. doi:10.1186/s12711-024-00918-2.