

Le mercredi 26 août 2026

Communiqué de presse,
pour diffusion immédiate

Deux nouvelles anomalies génétiques identifiées en Prim'holstein : des impacts sur la locomotion, la fertilité et la longévité

Deux découvertes récentes réalisées par des équipes de chercheurs franco-suisse et françaises vont permettre d'améliorer la génétique et les performances de la race Prim'holstein. Publiée dans *Genetics Selection Evolution* pour l'une et présentée lors d'un congrès mondial de génétique pour l'autre, ces anomalies génétiques impactent les caractères de locomotion, fertilité, immunité et donc de longévité dans la race Prim'holstein.

Des découvertes récentes et européennes

Publiée en juillet 2026, la première découverte a été réalisée par des équipes de l'Université de Berne et de l'ETH Zurich en Suisse, en collaboration avec des chercheurs français d'INRAE et d'Eliaance. Ces mêmes équipes françaises ont identifié la seconde anomalie génétique émergente, avec l'appui des écoles vétérinaires de Nantes et de Toulouse ainsi que de Prim'Holstein France et des sociétaires d'Eliaance. Cette découverte a été présentée pour la première fois lors du récent congrès mondial de génétique animale WCGALP, qui s'est tenu en juillet 2026 à Madison, aux États-Unis.

HLD et RRC : deux nouvelles anomalies génétiques

Ces deux nouvelles anomalies récessives ont été nommées HLD pour *Hyaluronidase Deficiency* et RRC pour *Respiratory and Reproductive Ciliopathy*

L'anomalie HLD résulte d'une mutation non-sens dans le gène *HYAL1*, qui introduit un codon stop prématurément et empêche la production d'une protéine fonctionnelle. Ce gène code une hyaluronidase, enzyme impliquée dans la dégradation de l'acide hyaluronique, un constituant présent dans de nombreux tissus, notamment les articulations. **La fréquence** allélique dans la population Prim'holstein française est **estimée à environ 8,4%**, et le 1^{er} diffuseur connu de l'allèle délétère est le 2^e fondateur de la race, **Chief** (FRUS01427381), né en 1962.

Concernant l'anomalie RRC, elle résulte de l'insertion de 27 paires de bases dans le gène *DNAH11*, conduisant à l'ajout de neuf acides aminés dans la protéine correspondante. *DNAH11* joue un rôle essentiel dans le fonctionnement des cils, minuscules structures motiles présentes à la surface de certaines cellules. Ces cils permettent notamment d'évacuer les agents pathogènes des voies respiratoires et interviennent également dans le fonctionnement de l'appareil reproducteur femelle. **La fréquence** allélique dans la population a été **estimée autour de 5% en 2025, et est en forte augmentation sur la dernière décennie**. Le diffuseur principal de l'allèle délétère est le taureau **Mogul** (US003006972816).

Des impacts allant de la réforme précoce à la surmortalité et l'infertilité

Les deux anomalies n'ont pas le même impact zootechnique et économique sur la population.

Les individus homozygotes **HLD** présentent une inflammation non sensible et froide des articulations, surtout au niveau des membres postérieurs, affectant leur locomotion. Ces troubles ont des **répercussions sur les performances et la longévité des animaux**. Les femelles homozygotes présentent ainsi un **risque accru de réforme précoce**, notamment à l'issue de leur première lactation.

Dans le cas de l'anomalie **RRC**, on observe une surmortalité chez les jeunes animaux homozygotes, liée à des affections respiratoires récidivantes, notamment des bronchites compliquées de surinfections bactériennes, pouvant évoluer vers des formes chroniques. Par la suite, des troubles importants de la fertilité apparaissent chez les animaux survivants, réduisant fortement la capacité des femelles homozygotes à devenir gestantes. Cette anomalie possède donc un **fort impact économique**, puisque les animaux atteints présentent une **mortalité et une morbidité nettement supérieures à celles observées dans le reste de la population**, auxquelles s'ajoutent d'importantes pertes de performances reproductives et des réformes précoces parmi les femelles homozygotes survivantes.

Des signes cliniques uniquement chez les homozygotes

Ces anomalies sont récessives, ce qui signifie qu'elles ne s'expriment que chez les animaux ayant hérité de l'allèle muté à la fois de leur père et de leur mère. Autrement dit, seuls les individus homozygotes mutés sont « malades » et exprimeront les signes cliniques. Les individus hétérozygotes, disposant d'une copie normale et d'une copie mutée du gène ne seront pas affectés, mais pourront transmettre la version allélique mutée du gène à 50% de leur descendance.

Il est donc recommandé de connaître le statut des reproducteurs pour gérer au mieux les allèles délétères lors des accouplements. En effet, la gestion d'une anomalie récessive peut s'effectuer simplement en évitant les accouplements entre deux animaux porteurs. Cette stratégie permet d'empêcher la naissance d'animaux homozygotes atteints, sans avoir à éliminer systématiquement de la reproduction les individus hétérozygotes, ce qui impacterait nettement la variabilité génétique dans la race.

Pour finir, il est dès à présent possible pour les éleveurs de **connaître le statut des femelles de renouvellement pour ces deux mutations, via le génotypage sur la puce EuroGMD** (puce utilisée pour un génotypage laitier en France) auprès d'un prestataire proposant ce service.

Financement

L'identification et la caractérisation de l'anomalie RRC s'inscrivent dans le cadre du projet WELCOW, financé par APIS-GENE.

Contacts Presse :

Laurent SCHIBLER
OS Union Gènes Diffusion
03 27 99 54 76
l.schibler@genesdiffusion.com

Pierre-Alexandre LEVEQUE
OS Prim'Holstein
02 41 37 66 62
pierre-alexandre.leveque@primholstein.com

Aurélien CAPITAN
INRAe
01 34 65 26 45
aurelien.capitan@inrae.fr