

Chers partenaires,

Vous le savez, « le passé est instituteur, le présent est examinateur, le futur est bilan » et c'est dans un futur proche, la matinée du 9 Novembre 2022 à la Maison du Lait, que nous allons accorder ces temps pour dessiner les contours du nouveau cycle d'APIS-GENE au travers du séminaire quinquennal.

Capitalisant sur les 2 derniers séminaires et notre première AG ouverte de 2021, ce séminaire s'inscrit dans la démarche que je porte d'un dialogue fort pour rendre plus efficiente et cohérente la mutualisation au service de la R&D en génétique. En concertation avec les professionnels, nous l'avons imaginé, synthétique et surtout porteur de ses échanges afin de partager porteur d'enjeux du tour de table d'APIS-GENE puisse s'y exprimer et chaquer ses priorités. Avant cela, une rétrospective du dernier mandat d'APIS-GENE introduira la présentation de 4 programmes de R&D sur des sujets prioritaires qui permettront d'illustrer à la fois nos axes stratégiques et les différentes phases d'avancement de la R&D, depuis le démarrage d'une thématique jusqu'à sa valorisation.

En attendant cet événement que nous vous préparons avec impatience, je tiens à féliciter les partenaires du projet Méthane 2030 pour la nouvelle marche qui vient d'être franchie avec la labellisation Valorial obtenue le 21 Juin. Pour autant, ne vendons pas la peau de l'ours avant d'avoir tué et souhaitons pleine réussite à la labellisation par FranceAgriMer de ce projet d'envergure porteur de solutions climato-intelligentes !

Bonne lecture.

David Perin, Président

Sommaire

En vedette

Programmes à la Une

- De nouveaux index génétiques pour réduire les réformes subies en élevages caprins
- Bas les masques sur l'ADN
- Vers une validation terrain d'indicateurs prometteurs de qualité embryonnaire chez les bovins
- Perfectionner les leviers d'action génétique pour l'amélioration du bilan carbone des filières de ruminants

Du côté des doctorants

SeViG²

Aux programmes de R&D bien nés, la valorisation n'attend point le nombre des années

Calendriers

Le bon coin des actionnaires

En vedette : Clap de fin pour l'Appel A Projets 2022



Après un Appel A Projets 2021 exclusivement consacré aux thèses, APIS-GENE a ouvert en 2022 son Appel A Projets à l'ensemble des projets de recherche – aménagement, R&D, finalisation et développement technologique – et aux thèses.

Avec succès ! 17 projets ont ainsi été déposés et ont suivi le processus de labellisation. Ces projets couvraient à des 4 axes du programme scientifique d'APIS-GENE EGER 4.0 (Efficience Globale pour l'Élevage des Ruminants) :

- Axe 1 : un animal durable pour accompagner la transition agroécologique
- Axe 2 : santé et bien-être animal
- Axe 3 : efficacité reproductrice

Après 2 phases successives d'experts scientifiques et stratégiques, 10 projets ont été labellisés par APIS-GENE : 6 programmes de recherche et 4 demi-bourses de thèses dont 2 environnés.

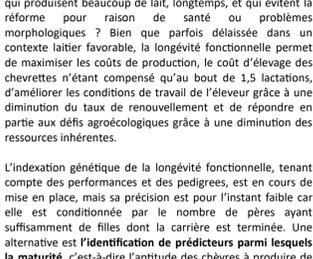
2022, c'est ainsi plus de 2,2 millions d'euros investis pour la recherche en génétique et génomique des ruminants, pour lesquels 5,8 millions d'euros de coût total de programmes. C'est également l'ouverture du partenariat scientifique avec le financement de 2 programmes impliquant de nouvelles structures de recherche dans le périmètre d'APIS-GENE : le CEA et l'Institut Agro Dijon.

APIS-GENE poursuit donc ses efforts d'investissements au service des filières de ruminants, pour lesquelles la génétique est un levier à part entière d'amélioration des systèmes.

PROGRAMMES À LA UNE La Science avance pour nos Filières !

De nouveaux index génétiques pour réduire les réformes subies en élevages caprins

MALO – R&D – 2021/2022
75 k€ dont 60 k€ financés par APIS-GENE



Et si le troupeau de chèvre idéal commençait par des chevreaux qui produisent beaucoup de lait, longtemps, et qui évitent la réforme pour raison de santé ou problèmes morphologiques ? Bien que parfois délaissée dans un contexte laitier favorable, la longévité fonctionnelle permet de maximiser les coûts de production, le coût d'élevage des chevrettes n'étant compensé qu'au bout de 1,5 lactations, d'améliorer les conditions de travail de l'éleveur grâce à une diminution du taux de renouvellement et de répondre en partie aux défis agroécologiques grâce à une diminution des rendements inhérentes.

L'indexation génétique de la longévité fonctionnelle, tenant compte des performances et des pedigrees, est en cours de mise en place, mais sa précision est pour l'instant faible car elle est conditionnée par le nombre de pères ayant suffisamment de filles dont la carrière est terminée. Une alternative est l'identification de prédicteurs parmi lesquels la maturité, c'est-à-dire l'appétite des chevres à produire de grandes quantités en 3^{ème} lactation plutôt qu'en 1^{ère}, est particulièrement prometteuse.

Le projet MALO vise à mettre en place des index « lait » et « maturité » en races Alpine et Saanen qui permettent de ne pas détériorer la longévité fonctionnelle.

La mise en place d'un nouvel index nécessite de comparer plusieurs modèles statistiques. Mathieu Anou (Idele), coordinateur du programme, explique : « Nous avons testé différents modèles pour l'indexation « lait » et « maturité » : l'indexation classique, le modèle multi-caractère et le modèle de régression aléatoire, développé dans le cadre de ma thèse MEDOLO, cofinancée par APIS-GENE. Les différents tests ont permis de montrer que le modèle multi-caractères, bien qu'il ne prenne en compte que les 3 premiers caractères (vs 10 dans le modèle actuel), est le plus adapté pour une utilisation en routine, avec notamment une meilleure vitesse de calcul.

Les corrélations entre les différents index « lait » et « maturité » générés ont été estimées, et ont montré qu'une sélection sur la production de lait en 1^{ère} lactation dégrade plus la longévité qu'une sélection sur la production en 3^{ème} lactation. Par ailleurs, le programme a permis de confirmer qu'une sélection sur la maturité permet d'améliorer la longévité, les 2 caractères étant positivement corrélés. Mathieu Anou ajoute : « Quand nous nous sommes intéressés à l'évolution des index « maturité » au cours du temps, nous nous sommes rendu compte que, si les index sur la production de lait en L1, L2 et L3 ont tous augmenté depuis les années 80, l'index production en L1 a progressé plus rapidement, entraînant une dégradation de la maturité au cours du temps ».

En parallèle, une étude technico-économique autour de la longévité a débuté. Des enquêtes dans dix élevages du réseau Inosys devraient permettre d'identifier des facteurs favorisants (pratiques, alimentation, ...). Il a d'ores et déjà été montré que les animaux élevés dans des systèmes paille/aliments concentrés présentent une longévité moindre que ceux ayant un régime plus herbagé (pâturage, engrubannage et foin, ensilage maïs).

L'indexation sur le prédicteur « maturité », déjà mis en avant par Cappèges, l'OES caprine, et bien reçu par les éleveurs, devrait, après finalisation dans le programme MALO, aider à améliorer la longévité fonctionnelle dans les élevages caprins.

Partenaires du programme :

Bas les masques sur l'ADN

SeqOcclin – R&D – 2019/2021
6 M€ dont 456 k€ financés par APIS-GENE

En 2006, quelques 25 000 gènes du génome de la génétique, une vache femelle Hereford, étaient séquencés. Après ceux du poulet, du chien et du chat, le génome bovin est alors le 4^{ème} chat, le génome domestique séquencé, mais surtout le 1^{er} des ruminants. Si les technologies de séquençage ont fortement évolué, permettant de diminuer à la fois le temps d'analyses mais aussi les coûts, l'un des enjeux actuels est l'intégration de « long reads », ou séquences longues. En effet ces lectures longues permettent de produire une séquence complète de manière plus précise, plus efficace et moins biaisée (notamment des variants structuraux) grâce à des assemblages de meilleure qualité.

Quatre laboratoires d'INRAE et 14 partenaires privés se sont impliqués dans un programme de séquençage de grande envergure nommé SeqOcclin. Ce programme, coordonné par la plateforme de séquençage GenToul, vise à acquérir une maîtrise avancée des technologies de séquençage de longs fragments sur molécule unique pour les filières animales (bovine, caprine, ovine, porcine, aviaire, microbienne) mais également végétale (maïs). Le programme permet de produire des séquences longues qui serviront à l'étude des variants structuraux et à la construction de génome de référence pour plusieurs races bovines, permettant ainsi d'étudier le

pangénomique bovin.

Six trios père/mère/descendant ont été séquencés pour produire des assemblages de génome de haute qualité : 2 trios Charolais, un trio Holstein*Normand, un trio Montbéliarde*Yack, un trio Blonde d'Aquitaine et un trio Aubrac. A ce stade, l'analyse des animaux Charolais a permis de tester plusieurs techniques de séquençage et d'assemblage du génome afin de rechercher les variations génomiques complexes et de produire un génome de référence de bonne qualité. Mekki Boussaha (INRAE), explique : « L'ensemble de ces séquences devrait permettre d'établir de nouveaux génomes de référence de bonne qualité et de réaliser des analyses pangénomiques, c'est-à-dire qui s'intéressent à tout le génome de l'espèce y compris la partie qui n'est pas présente dans la séquence de référence actuelle du génome de Dommette ».

En parallèle, le programme intègre la production d'un grand nombre de séquences courtes sur les principaux taureaux du réseau Eliance (Auriva, Évoluent, Gene Diffusion, Créalim, Umates, BGS et Elitea), financée par APIS-GENE. Afin d'identifier les variants structuraux de grande taille et des petites variations du génome bovin, 571 taureaux de 14 races bovines françaises différentes ont été

séquencés, générant ainsi un catalogue exhaustif de près de 34 millions de variants pour l'UMT eBIS. Leur analyse a permis d'identifier un grand nombre de nouveaux variants et d'établir un lien avec des phénotypes d'intérêt et/ou ceux-ci, anomalies génétiques. Parmi eux-ci, environ un millier de variants pertinents ont pu être mis sur la puce de génotypage EuroGMD, pour pouvoir les générer sur plusieurs dizaines de milliers de bovins, les étudier à l'échelle populationnelle et amener à la mise au point de nouveaux tests génétiques.

Mekki Boussaha conclut : « Grâce à SeqOcclin, nous avons 150 jeunes taureaux de 14 races différentes séquencés à la fois en short reads et en long reads. Les deux techniques étant complémentaires, nous pouvons construire 150 génomes de référence de très bonne qualité, ce qui fait de ce projet une vraie réussite pour les filières. Avec ces données, nous allons construire une méthode d'imputation des variants structuraux chez l'ensemble des animaux séquencés, puis dans un second temps, génotypés, ce qui permettra d'étudier leurs effets à grande échelle au sein de l'UMT eBIS ».

Partenaires directs du programme pour le volet bovin :

Partenaires du programme :

Le séquençage, quoi, pourquoi et comment ?

Le séquençage permet de déterminer la succession des 4 lettres A, T, C et G, appelées nucléotides, qui vont constituer un brin d'ADN, et donc d'avoir une connaissance exhaustive du génome. Cette connaissance ouvre la porte à l'identification de gènes responsables d'anomalies génétiques, à la recherche de susceptibilités ou encore au développement d'une puce à ADN et à l'étude du transcriptome, c'est-à-dire de l'ensemble des gènes exprimés par un individu.

Le séquençage de la vache de race Hereford en 2006, très vite suivi de l'obtention de la première séquence humaine, signe la fin d'un travail de grande ampleur mené par un consortium mondial, impliquant notamment les équipes de recherche d'INRAE. Depuis, ce génome a été progressivement amélioré mais reste la référence bovine.

Le séquençage consiste à fragmenter le génome pour obtenir des morceaux d'ADN de petite taille, plus facile à manipuler et à lire. Les extrémités de ces fragments sont ensuite séquencées, c'est-à-dire que l'ordre des nucléotides est déterminé. Ces séquences et les longueurs de fragments sont ensuite comparées au génome de référence, ce qui permet, en les superposant, de compléter les nouvelles séquences et de les reconstituer. La répétition de ce procédé avec l'ensemble des fragments permet de réaliser un « assemblage » et ainsi de reconstituer le génome des animaux. Bien que très efficace, le séquençage ne permet pas toujours de couvrir l'ensemble du génome, et laisse parfois des zones de « trous » et une séquence incomplète.

Aujourd'hui, on distingue 2 grandes générations de technologies de séquençage : les technologies de seconde génération (Illumina) qui permettent de produire des séquences courtes (100 à 500 nucléotides), appelées aussi short reads, et les technologies de séquençage de troisième génération (ONT, PACBIO) qui génèrent des séquences plus longues (plus de 10 000 nucléotides), ou long reads. A ce jour, tous les travaux de recherche ont été réalisés avec des données de séquences courtes et ont permis d'étudier les variations génomiques de plus petite taille telles que les variations nucléotidiques (SNP) ou bien les petites insertions et délétions (InDels). En revanche, ce type de données n'est pas adapté pour assembler la séquence complète d'un génome entier ou pour étudier les variations nucléotidiques de plus grande taille (supérieure à 50 nucléotides) appelées aussi variations de structure (délétion, duplication, inversions et translocations). Au contraire, les séquences long reads mettent plus facilement en évidence les variants structuraux et permettent même des assemblages de novo.



Le développement de nouvelles méthodes de séquençage NGS (Next-Generation Sequencing) au milieu 2000 et, comme dans le cadre de SeqOcclin, des méthodes de lecture long reads, permet d'améliorer la connaissance du génome pour la déclinier en boîte à outils afin de répondre aux enjeux de nos filières.

Plus d'informations : <https://planet-vie.ens.fr/thematiques/manipulations-en-laboratoire/la-revolution-de-la-genomique-les-nouvelles-methodes-de>

Vers une validation terrain d'indicateurs prometteurs de qualité embryonnaire chez les bovins

CineMoE – Finalisation – 2021/2023
465 k€ dont 369 k€ financés par APIS-GENE

Pour améliorer l'efficacité des biotechnologies de l'embryon, l'identification de prédicteurs embryonnaires de la réussite au transfert est une piste prometteuse. Le partenariat étroite entre Eliance et INRAE, notamment à travers des programmes Métamorphe, BosaDin, ou encore Recept (cofinancés par APIS-GENE), a permis de montrer que le profil morphocinétique des embryons pourrait être un bon prédicteur. Il s'agit de suivre leur morphologie - c'est-à-dire l'évolution de l'aspect de l'embryon - au cours des premières étapes de division cellulaire par une technologie consistant à photographier l'embryon à intervalle régulier sur un laps de temps donné. Cette méthode possède l'avantage d'être non-invasive et facilement applicable sur le terrain mais sa rentabilité doit encore être objectivée. Les programmes antérieurs ont permis de définir quatre catégories morphocinétiques avec des blastocystes qui sont transférables, présentant des qualités morphologiques 1 et 2 (Q1 et Q2) selon la méthode de classification de IETS (International Embryo Technology Society).

Cette caractérisation de profils morphocinétiques des embryons permet de discriminer des populations d'embryons conduisant à des taux de gestation contrastés. Déjà évalués sur un panel réduit d'échantillons, ces résultats préliminaires méritent d'être validés à grande échelle. C'est l'objectif du programme de finalisation CineMoE, qui, grâce à la constitution d'un réseau de plus de 300 femelles receveuses en fermes commerciales, vise à transférer des embryons produits in vitro et phénotypés par morphocinétique, puis à réaliser un suivi des gestations jusqu'à la naissance.

La constitution du programme repose en grande partie sur la réactivité du réseau de ferme élevage. Avec les concours des Entreprises de Sélection Auriva et Elitea, et des génisses Holstein seront présélectionnées pour constituer le

réseau de femelles receveuses. Les statuts alimentaires et sanitaires des exploitations seront également contrôlés de manière à coordonner de l'absence de virus. Pascal Salvetty (Eliance), coordinateur du programme, explique : « Nous prévoyons de transférer au moins 4 embryons par élevage, un de chaque classe morphocinétique, pour limiter l'effet d'élevage. Le réseau pourra donc regrouper au maximum 80 exploitations d'ici début 2023 ». La définition de ce réseau s'est également accompagnée de la rédaction d'un cahier des charges à destination des techniciens impliqués dans le programme, qui seront chargés des transplantations embryonnaires.

Pour atteindre l'objectif des 320 embryons transférés (80 de chaque catégorie morphocinétique), l'objectif prévisionnel est de produire, congeler et caractériser environ 500 embryons. Pascal Salvetty poursuit : « L'un des défis du programme est de voir la répartition morphocinétique dans l'échantillon réparti dans le cadre du régime Recept, il y avait de grandes disparités (classe A : 11% ; B : 33% ; C : 16% et D : 40%). Pour l'instant, nous observons une tendance de répartition assez homogène et plus équilibrée des classes morphocinétiques ».

Les embryons sont produits par OPU-FIV puis très rapidement congelés (IETS) avant d'être congelés (Q1 et Q2). En parallèle, les profils morphocinétiques sont établis pour chaque embryon, pour l'intégration manuelle dans l'attente de l'automatisation de cette analyse. A ce jour, environ 100 OPU-FIV ont été réalisées et 300 embryons ont été conditionnés en paillettes et congelés.

Alors, la validation des profils morphocinétiques des embryons comme nouvel indicateur non invasif de qualité embryonnaire chez les bovins serait-elle une première ouverture vers une amélioration significative des taux de gestation obtenus après transferts d'embryons produits in vitro ? Résultats à suivre ...



Embryon observé par technologie time-lapse (crédit photo : Eliance)

Partenaires du programme :

Perfectionner les leviers d'action génétique pour l'amélioration du bilan carbone des filières de ruminants

MethaBreed – R&D – 2019/2024
1 M€ dont 637 k€ financés par APIS-GENE

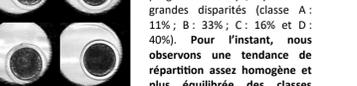
D'après le 6^{ème} rapport du GIEC (Groupe d'Experts Intergouvernemental sur l'évolution du climat), il nous reste moins de 10 ans pour agir et limiter les impacts dévastateurs du changement climatique. Mais les filières de ruminants, tenues pour responsables de près de 10% des émissions mondiales de gaz à effet de serre, n'ont pas attendu la thématique et la parution de ce dernier rapport pour mettre la mécanique du bilan carbone au cœur de leurs plans filières. En génétique porte l'ambition de pouvoir sélectionner des vaches émettant moins de méthane.

Le programme MethaBreed, démarré en 2018, vise à inclure la production de méthane dans les objectifs de sélection des races laitières Françaises et à mettre en place des stratégies de conseil en élevage.

Ainsi, 3 GreenFeeds ont été installés au niveau de stations expérimentales et de fermes de producteurs agricoles, et ont permis de collecter plus de 25 000 mesures d'émissions du méthane sur 250 vaches de race Holstein, Normande, Montbéliarde, Abondance et Jersiaise. Ces données de référence ont été complétées par 14 000 mesures MIR collectés dans le cadre du programme. L'analyse de cette base de données importante va permettre d'améliorer l'équation de prédiction des émissions de méthane. Sébastien Fritz (Eliance) explique : « Estimer la production de méthane avec les GreenFeed relève d'un phénotypage fin, mais le nombre de données collectées reste limité. Avec les spectres MIR, collectés en masse, nous avons la possibilité d'approximer la prédiction des émissions de méthane et de mettre en place une évaluation génomique, ce qui n'est pas possible avec les seules données des GreenFeeds ». Compte tenu de l'enjeu et des premières avancées, APIS-GENE a choisi de renforcer ce travail en 2022 avec la thèse MethaFor, qui a vocation à réaliser des analyses similaires à partir d'émissions de méthane collectées grâce à une technologie appelée Sniffer, sur des données collectées à la station expérimentale INRAE du Pin-Au-Haras. Elle permettra de consolider les résultats obtenus dans MethaBreed et de contribuer à la mise en place d'une équation de prédiction des émissions de méthane. Lorsque

les équations de prédiction seront consolidées, elles pourront être appliquées aux spectres MIR issus de l'activité de contrôle de performance de routine, permettant de générer potentiellement des populations de référence de plus de 100 000 vaches en races Holstein et Montbéliarde et 40 000 vaches Normandes. Une évaluation génomique de dernière génération, utilisant la méthodologie « Single-Step », sera développée pour permettre la sélection d'animaux produisant moins de méthane.

MethaBreed est l'une des premières pierres génétiques à mettre en place dans le cadre de la « Décarbonation des élevages ». L'ampleur de la tâche est de taille, et les filières s'organisent autour d'APIS-GENE afin de soumettre à l'Appel A Projets FranceAgriMer « Réflexion et Capacités Agroalimentaires 2030 » un programme d'envergure qui mettra le Méthane 2030 sur le volet génétique, ce projet viendra compléter les résultats obtenus dans MethaBreed, notamment avec l'intégration d'analyses de données de bovins allaitants. Leviers génétique, d'alimentation, d'additifs, ..., ce projet relève d'une véritable mutualisation des entreprises de notre secteur et d'un croisement des compétences, au service de l'élevage français des ruminants. Plus de détail sur la labellisation de ce projet à suivre ...



Le GreenFeed permet de mesurer les émissions de méthane des bovins (source : Agroscope)

Partenaires du programme :

SelViG², pour que jeunesse se fasse

Avec des coûts d'élevage allant de 1 200 € à 2 000 € en incluant la main d'œuvre, les génisses sont un important poste de dépense pour les éleveurs. Aussi, la baisse de la mortalité des veaux en élevage est un enjeu de taille. Et pour cause ! 11,9% des femelles laitières meurent avant d'atteindre 150 jours de vie, chiffre qui s'élève à 15,1% pour les mâles de races laitières. Comme les deux faces d'une même pièce, la solution est tant qu'outil de gestion des anomalies génétiques dans les populations françaises de ruminants, mais présente également un risque puisque dans certains cas (méconnaissance des pedigrees ou de mutations portées par les reproducteurs) elle peut conduire à accélérer la dégradation de la diversité génétique.

La thèse SelViG², menée par Florian Besnard (Idele), vise à réduire la mortalité juvénile des bovins par l'identification de mutations causales qui seront ajoutées au système d'évaluation génomique existant, permettant de les gérer dans les populations bovines.

Afin d'analyser les taux de mortalité induits par les taureaux, Florian Besnard a défini différentes périodes critiques. « Nous avons construit 4 caractères de mortalité, principalement autour de 3 races : la mortalité périnatale liée pour 80% à des difficultés de vêlage (dystocie), la mortalité postnatale (jusqu'à 55 jours) due à des infections intestinales et les mortalités pré et post-sevrages principalement induites par des infections pulmonaires », explique le doctorant. Ces 4 périodes de mortalité ont permis de mettre en avant des taureaux induisant des mortalités particulièrement élevées chez leurs descendants,

qui ont intéressé Florian Besnard. Par exemple, un taureau utilisé pour plus de 500 inséminations en France et en Belgique, voit le taux de mortalité de ses veaux à 1 an s'élever à plus de 30%, avec un taux de mortalité dans les premiers jours de vie de 12% nettement au-dessus des 2-3% de moyenne. L'autre taureau père de 3 000 filles, induit chez ses descendants un taux de mortalité à un an de l'ordre de 20%. Après plusieurs examens cliniques, réalisations de carotypes, analyses de cartographies en utilisant la méthode dite cas/contrôle, et recherche de variants candidats, deux nouvelles anomalies ont pu être mises en évidence. Il a ainsi été montré que le 1^{er} taureau est porteur d'une translocation chromosomique (une partie du chromosome BTA29 étant rattachée au chromosome BTA26) et que le 2^{ème} taureau présente une mutation dominante sur le gène GATA6, impliqué dans des défauts cardiaques.

Les premiers résultats sont prometteurs : « Grâce aux analyses d'association, nous avons pu mettre en lumière des zones de génome responsables de mortalité de jeunes similaires dans plusieurs races, ce qui laisse à penser que les mutations sont anciennes, années en amont de la sélection des races » précise Florian Besnard. Pendant les 2 prochaines années, il va poursuivre la recherche et la caractérisation des autres zones du génome et idéalement de mutations responsables de surmortalité juvénile. Au-delà des impacts économiques évidents, ces travaux vont élargir la gamme de tests en sélection génomique aux gènes impliqués dans la surmortalité juvénile, amenant via la réduction de la mortalité des veaux, des gains en termes de santé animale, de bien-être, d'empreinte environnementale et de perception sociale.

Partenaires du programme :

CALENDRIERS Congrès scientifiques et salons

Meeting annuel de l'EAAP - 73^{ème} édition du Meeting annuel de la Fédération européenne des éleveurs laitiers
5 au 9 sept. 2022 (Porto - Portugal)

SPACE - Le Salon International des Productions Animales
13 au 15 sept. 2022 (Rennes)

Sommet de l'Élevage - Le Salon Européen des professionnels de l'élevage
4 au 7 oct. 2022 (Clermont-Ferrand)

ICODS Science Conference - Integrated Carbon Observation System
13 au 15 sept 2022 (Utrecht - Pays-Bas)

Meeting annuel de l'AETE - Association européenne des techniciens des technologies de l'élevage
15 et 16 sept. 2022 (Utrecht - Pays-Bas)

Appel à Projets de Recherche 2023
2 Juin au 2 sept. 2022

eBIS Webinaire de l'UMT eBIS
13 octobre 2022

Journée de l'ONZ
8 nov. 2022 (Paris)

3R 2022 - 26^{ème} édition des Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants
7 et 8 décembre 2022 (Paris)

VALORISATION

Aux programmes de R&D bien nés, la valorisation n'attend point le nombre des années

Vous l'avez lu au travers de cette newsletter sur l'année et demi qui nous sépare du premier numéro, la valorisation c'est le signe d'un accomplissement. Un accomplissement pour les partenaires de R&D, notamment INRAE, Idele et Eliance, pour APIS-GENE et surtout pour les filières de ruminants.

Depuis 2009, avec la mise en place de la sélection génomique, APIS-GENE n'a cessé d'investir pour que cette nouvelle technologie, permettant de sélectionner les animaux dès leur plus jeune âge, soit déployée et améliorée le plus largement possible. Après les trois grandes races laitières françaises, se sont ajoutées les races régionales laitières, les grandes races allaitantes, les ovins et caprins laitiers amenant le total à 18 races en Sélection Génomique. La méthodologie a également été améliorée avec le dernier développement en date : le Single Step[®]. En dehors des caractères classiquement sélectionnés, le chaînage mis en place constitue un socle qui a permis d'accélérer la mise en place de sélection ou de gestion de nouvelles caractères comme les anomalies bovines[®], la susceptibilité à la paratuberculose[®] ou encore des caractères abordés via des programmes privés comme la santé des pieds (GENOSANTE, MO3 SAN).

APIS-GENE est Maître d'Œuvre de la valorisation pour l'ensemble de ces technologies collectives et continue d'assurer son positionnement, reconnu par les acteurs de ces filières à la fois pour la construction et le financement des programmes de recherche mais aussi pour la mise en place de valorisations des résultats qui en découlent. A ce titre, APIS-GENE assure la perception de royalties pour

son propre compte et pour celui des copropriétaires, avant de leur redistribuer. Les plus de 3,4 M€ de propriété intellectuelle (PI) revenant à APIS-GENE ont été réinvestis dans de nouveaux programmes.

Comme « Nul n'est prophète dans sa PI », nous travaillons à améliorer la transférabilité des résultats souvent obtenus dans une race au autres races, ce qui n'est pas toujours simple compte tenu des spécificités de chaque race. D'autre part, si la Sélection Génomique est une réussite, un certain nombre de programmes en cours devraient permettre d'élargir le portefeuille de valorisation d'APIS-GENE sur d'autres technologies comme l'épigénétique, les technologies recourant à de l'IA ou encore les dosages dynamiques en santé, reproduction et performances.

(1) : pour plus d'information, consultez la rubrique valorisation de l'APIS-GENE news n°6 [ici](#)

(2) : pour plus d'information, consultez la rubrique valorisation de l'APIS-GENE news n°4 [ici](#)

(3) : pour plus d'information, consultez la rubrique valorisation de l'APIS-GENE news n°5 [ici](#)

Evolution du nombre de types ou de tests rendus Par valorisation depuis leur lancement

