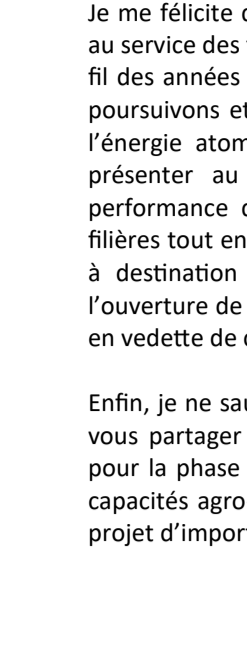


n°9 | 01/2023



Chers partenaires,

En ce début d'année 2023, je vous adresse mes vœux les plus sincères de réussite pour vous et collectivement pour nos filières.

Cette nouvelle année est synonyme du démarrage du 5ème mandat APIS-GENE. Il fait suite au séminaire du 9 novembre 2022 pendant lequel, les actionnaires ont, devant un amphithéâtre du CNIEL, confirmé les orientations d'ÉGER 4.0 pour les 5 prochaines années.

Je me félicite de la reconnaissance du travail réalisé au sein d'APIS-GENE au service des filières et dans un esprit mutualisé. Nous avons construit au fil des années des partenariats solides, notamment avec INRAE, nous les poursuivons et en ouvrons de nouveaux comme avec le Commissariat à l'énergie atomique et aux énergies alternatives, le CEA, qui est venu présenter au séminaire. Nous devons relever le défi de la triple performance de l'élevage et améliorer l'offre technologique pour nos filières tout en renforçant les impacts de nos travaux de R&D notamment à destination des éleveurs. Nous commençons d'ailleurs l'année par l'ouverture de notre AAP 2023, dont vous pourrez retrouver les modalités en vedette de ce numéro.

Enfin, je ne saurais vous laisser commencer la lecture de ce numéro sans vous partager que le projet Méthane 2030 a été déposé début janvier pour la phase d'étude approfondie de l'AAP France 2030 « Résilience et capacités agro-alimentaires ». Nous sommes tous mobilisés pour que ce projet d'importance pour nos filières puisse se concrétiser.

Bonne lecture.

Daniel Perria, Président

Sommaire

- En vedette**
- Programmes à la Une**
- Coup de chaud sur la planète : et les bovins dans tout ça ?
 - Pas de jaloux, la Normandie aussi aura bientôt son index « susceptibilité à la paratuberculose »
 - Automatiser le phénotypage grâce à l'imagerie 3D
 - Entre efficacité alimentaire et rejets de méthane, étude des déterminants digestifs
- Du côté des doctorants**
- HomLet, détection de mutations homozygotes létales chez les petits ruminants
- Valorisation**
- Vers une évaluation de l'évaluation génomique !
- Calendriers**
- Le bon coin des actionnaires**

En vedette : J-38 avant la clôture de la 1ère phase de dépôt à l'Appel A Projets 2023

Rappels EGER 4.0

- un animal durable, pour accompagner la transition agricole
- santé et bien-être animal
- efficacité reproductrice
- qualité des produits
- transversal, méthodologie et données technologiques

Etape 1

- programmes de recherche : amorçage, R&D finalisation
- programmes de développement technologique
- thèses convenues et inscrites à un programme en cours de dépôt

→ **Deadline: 24 février 2023 - 15h**

Etape 2

- programmes retenus en phase 1
- déclencheurs de thèses

→ **Deadline: 12 mai 2023 - 15h**

Le séminaire 2022 d'APIS-GENE a été l'occasion pour les professionnels des filières de ruminants de discuter des enjeux auxquels APIS-GENE devra répondre dans les prochaines années grâce à une recherche ambitieuse en partenariat public/privé.

Parmi les grandes priorités, l'environnement et la décarbonation ressortent pour l'ensemble des filières. Mais d'autres attentes ont été rappelées comme la santé et le bien-être animal, l'efficacité alimentaire, l'orientation vers un animal durable, les avancées technologiques ou encore l'amélioration des technologies de la reproduction. Autant de thématiques déjà présentes dans le programme scientifique EGER 4.0, qui reste donc plus que jamais d'actualité.

Alors, pour répondre à ces attentes, et toujours dans une dynamique de recherche finalisée au bénéfice des éleveurs et plus largement des filières, APIS-GENE a ouvert début décembre 2022 son Appel A Projets annuel pour l'ensemble des programmes de recherche, de l'amorçage au développement technologique, en passant par la R&D, la finalisation, et bien évidemment les co-financements de bourses de thèses.

Deux dates sont à retenir : le **24 février** pour les projets de R&D et les thèses associées, et le **12 mai** pour les projets de thèses indépendants !

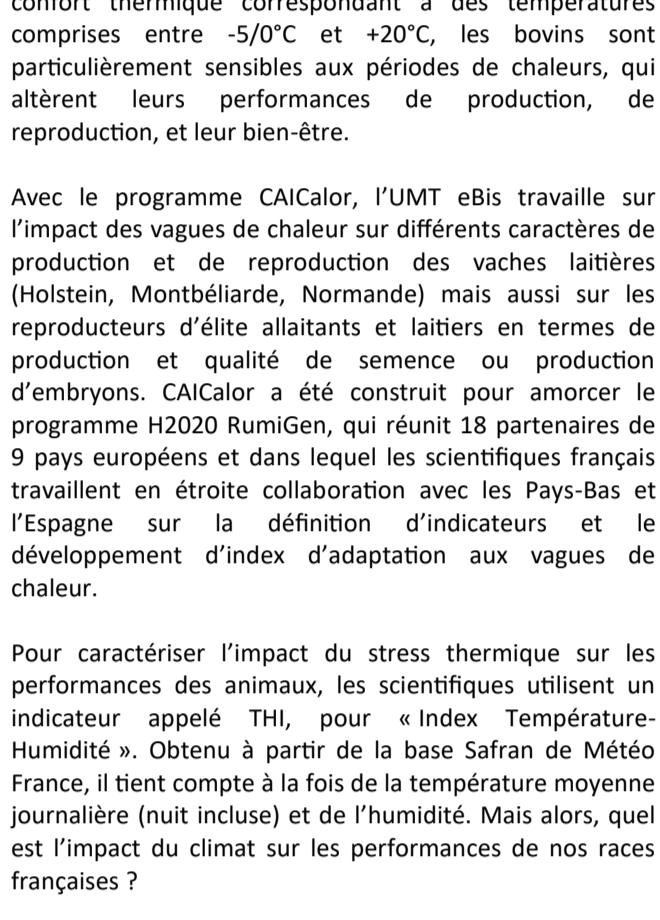
Vous avez des projets à valence génomique répondant aux enjeux auxquels les filières de ruminants doivent répondre ? Consultez le site internet d'APIS-GENE apiogene.fr pour plus d'informations. L'équipe d'APIS-GENE se tient à votre disposition pour échanger sur vos projets à l'adresse administration@apiogene.fr.

PROGRAMMES À LA UNE

La Science avance pour nos Filières !

Coup de chaud sur la planète : et les bovins dans tout ça ?

CAICalor – R&D – 2020/2024
497 K€ dont 148 K€ financés par APIS-GENE



Quand on parle du réchauffement climatique, les projections sont rarement optimistes. Suite à de nouvelles simulations, des chercheurs du CNRS prévoient une augmentation de 3,8°C à l'horizon 2100 par rapport au début du XX^{ème} siècle, et ce dans un scénario d'émissions de gaz à effet de serre modérées (CNRS). Avec une zone de confort thermique correspondant à des températures comprises entre -5,0°C et +20°C, les bovins sont particulièrement sensibles aux périodes de chaleurs, qui altèrent leurs performances de production, de reproduction, et leur bien-être.

Avec le programme CAICalor, l'UMT eBis travaille sur l'impact des vagues de chaleur sur différents caractères de production et de reproduction des vaches laitières (Holstein, Montbéliarde, Normande) mais aussi sur les reproducteurs d'élite allaitants et laitiers en termes de production et qualité de semence ou production d'embryons. CAICalor a été construit pour amorcer le programme H2020 RumiGen, qui réunit 18 partenaires de 9 pays européens et dans lequel les scientifiques français travaillent en étroite collaboration avec les Pays-Bas et l'Espagne sur la définition d'indicateurs et le développement d'index d'adaptation aux vagues de chaleur.

Pour caractériser l'impact du stress thermique sur les performances des animaux, les scientifiques utilisent un indicateur appelé THI, pour « Index Température Humidité ». Obtenu à partir de la base Safran de Météo France, il tient compte à la fois de la température moyenne journalière (huit incluse) et de l'humidité. Mais alors, quel est l'impact du climat sur les performances de nos races françaises ?

Sur la production laitière, au-delà d'un THI compris entre 50 et 55, la production laitière journalière décroît de 70 à 125 g de lait par jour par point de THI, pour atteindre une perte journalière comprise entre 1,5 et 3 kg de lait en conditions climatiques extrêmes. Les niveaux de THI à

partir desquels les autres caractères de production (matières et taux) et le score cellulaire sont dégradés sont variables entre caractères, mais toujours inférieurs à 55. Les performances de production ne sont donc plus optimales au-delà d'une température moyenne journalière de 13°C, voire moins, et des baisses de 5 à 15% des performances sont observées entre des conditions climatiques optimales et de stress thermique modéré à élevé (THI > 70). Tous les animaux sont concernés par des baisses de performances en cas de forte chaleur, mais certains animaux semblent plus adaptés que d'autres. La valeur génétique des animaux dépend peu des conditions climatiques, les mixtes classés en conditions tempérées restent globalement meilleurs en conditions climatiques extrêmes. Cependant, quelques recassements sont possibles. En Montbéliarde pour les caractères de production, les animaux avec les meilleures valeurs génétiques telles qu'elles sont estimées aujourd'hui sont en moyenne ceux qui subissent les plus fortes pertes de valeurs génétiques en conditions de stress de chaleur important (THI > 70). Pour le score cellulaire somatique, les résultats obtenus montrent que les animaux les plus sensibles dans les conditions actuelles ont une sensibilité accrue à THI élevé, indiquant que la sélection actuelle sur ce caractère de santé de la mamelle est pertinente pour les conditions futures, plus chaudes. Roxane Vallée (Idele), coordinatrice du programme, ajoute : « Les résultats obtenus ont soulevé de nombreuses questions, surtout lorsque l'on compare l'effet du THI sur les performances de production des vaches françaises avec ceux obtenus par les Pays-Bas ou l'Espagne. Si nous avons retrouvé des différences de races en accord avec la littérature, ces différences semblent tenir principalement des systèmes de production ».

Sur les performances de reproduction, les travaux se poursuivent avec l'étude de la réponse au stress de chaleur. Grâce à l'implication des Entreprises de Sélection Innovat, Umotest, Auriva et Awé, des premiers éléments de réponse ont été apportés sur la qualité des semences des taureaux laitiers et allaitants, qui se dégrade à partir de THI compris entre 40 et 50, avec un effet du climat plus marqué sur les premiers stades de la spermatogénèse, en semence fraîche comme en post congélation.

« CAICalor nous a permis d'anticiper le programme européen RumiGen, de s'approprier les méthodes et les modèles. Nous avons ainsi pu obtenir des premiers indicateurs d'adaptabilité aux vagues de chaleur, et nous sommes en train de calculer leur précision » conclut Roxane Vallée. CAICalor vise ainsi à accompagner les filières afin qu'elles puissent, à terme, être en mesure de faire face au défi du réchauffement climatique en ayant une vision à grande échelle de l'impact des vagues de chaleur sur les bovins.

Partenaires du programme :

Partenaires du programme :

Pas de jaloux, la Normandie aussi aura bientôt son index « susceptibilité à la paratuberculose »

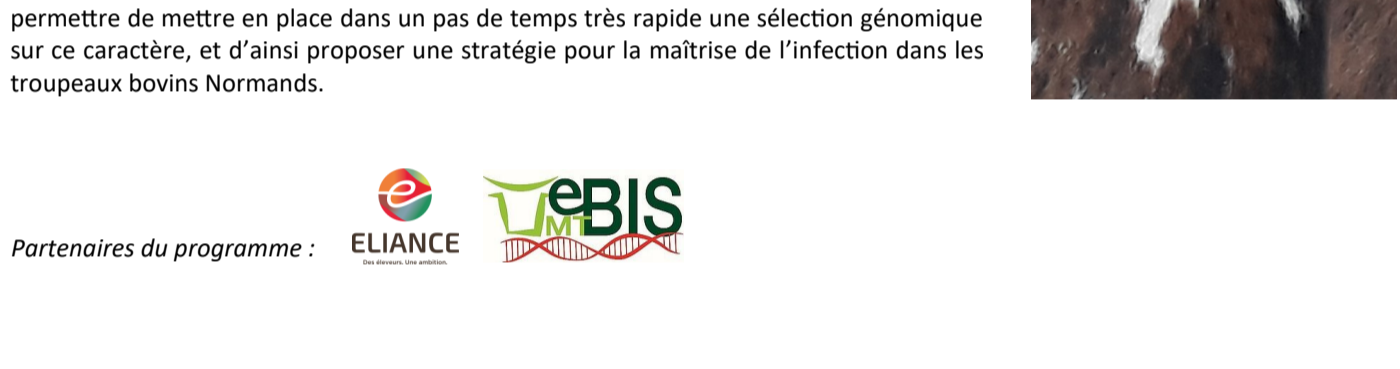
PTB56 – R&D – 2021/2023
110 K€ dont 30 K€ financés par APIS-GENE

La paratuberculose est une maladie infectieuse qui touche les élevages de ruminants, et pour laquelle il n'existe pas à ce jour de traitement. L'issue est fatale pour les animaux et les élevages touchés font l'objet de plans sanitaires menés par les GDS. Cependant, les bovins présentent une susceptibilité génétique à la paratuberculose, ouvrant un levier d'amélioration des stratégies de maîtrise de l'infection par la sélection génomique. Le programme PARADIGM (APIS-GENE/GDS), en association avec le programme PICSTAR (INRAE), avait pour objectif de mettre en place une telle sélection génomique en Holstein et Normandie. Elle est effective en Holstein depuis avril 2022. Fort de la réussite de PARADIGM en race Holstein, des travaux complémentaires sont actuellement menés en race Normande afin d'élaborer une évaluation génomique de la susceptibilité à la paratuberculose pour cette race.

Initialement intégrée dans le programme PARADIGM, les analyses n'ont pu aboutir en race Normande faute de prélèvements d'échantillons et de génotypes suffisants. En effet, la double particularité de ces prélèvements réside dans la nécessité de collecter non seulement des animaux atteints qui, une fois détectés, sont rapidement sortis du troupeau, mais également des vaches saines, issues du même élevage, l'ensemble des animaux étant génotypés dans un contexte de maladie fortement contagieuse et pour des élevages ne pratiquant pas nécessairement le génotypage. A ce jour, ce sont près de 1 000 femelles qui ont pu être génotypées grâce à un effort conjoint des entreprises de sélection et du réseau des GDS, sur un objectif de 2 500 génotypes supplémentaires par rapport au programme PARADIGM. Sébastien Fritz (Eliance), coordinateur du programme, précise : « Nous prévoyons de collecter les 1 500 génotypes manquants sur le 1^{er} semestre 2023, grâce à une optimisation du chaînage de transfert de données entre les GDS, les ES (Evolution et Origine Normande) et l'UMT eBis. De plus, nous prévoyons d'avoir plus de cas qui remontent en janvier et avril, les animaux étant prélevés plus fréquemment sur la période hivernale ».

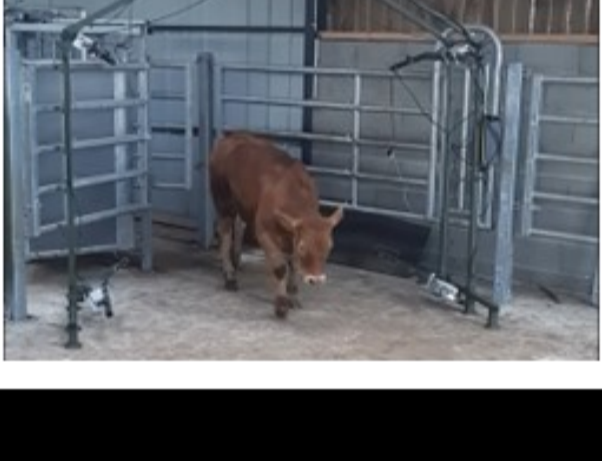
Une fois la collecte des données terrain finalisée, elles pourront être analysées. Il a déjà été montré que la susceptibilité à la paratuberculose est un caractère très héritable en race Normande, de l'ordre de 50%. L'expérience acquise dans PARADIGM devrait permettre de mettre en place dans un pas de temps très rapide une sélection génomique sur ce caractère, et d'ainsi proposer une stratégie pour la maîtrise de l'infection dans les troupeaux bovins Normands.

Partenaires du programme :



Automatiser le phénotypage grâce à l'imagerie 3D

PHENO3D – Dev. Tech. – 2022/2026
746 K€ dont 320 K€ financés par APIS-GENE



Scanner 3D : dispositif et résultat (© Eliance)

L'essor des techniques d'imagerie 3D est prometteur et le domaine de l'agriculture et de l'élevage. La dernière décennie a notamment vu émerger, dans le cadre de plusieurs programmes de recherche, différents outils utilisant cette technologie. C'est ainsi que des portiques et des dispositifs portables ont été développés pour enregistrer l'enveloppe externe d'animaux domestiques. Cette première étape réussie laisse entrevoir, en complément d'un palliatif à la difficulté de couvrir le terrain avec suffisamment de pointeurs automatisés, des possibilités d'automatisation du phénotypage de la morphologie des animaux, activité autant chronophage, coûteuse et fastidieuse qu'indispensable à la mise en place d'évaluations génomiques.

Afin de développer un outil de collecte de phénotypes automatisés grâce à l'imagerie 3D, Eliance, Races de France et Idele ont créé le consortium Animal3D, dont PHENO3D est le 1^{er} programme phare, labellisé par APIS-GENE en 2022.

Avec en ligne de mire le développement d'un outil numérique permettant de moderniser le pointage et la pesée des veaux allaitants grâce à l'intelligence artificielle, PHENO3D répond à une véritable demande du

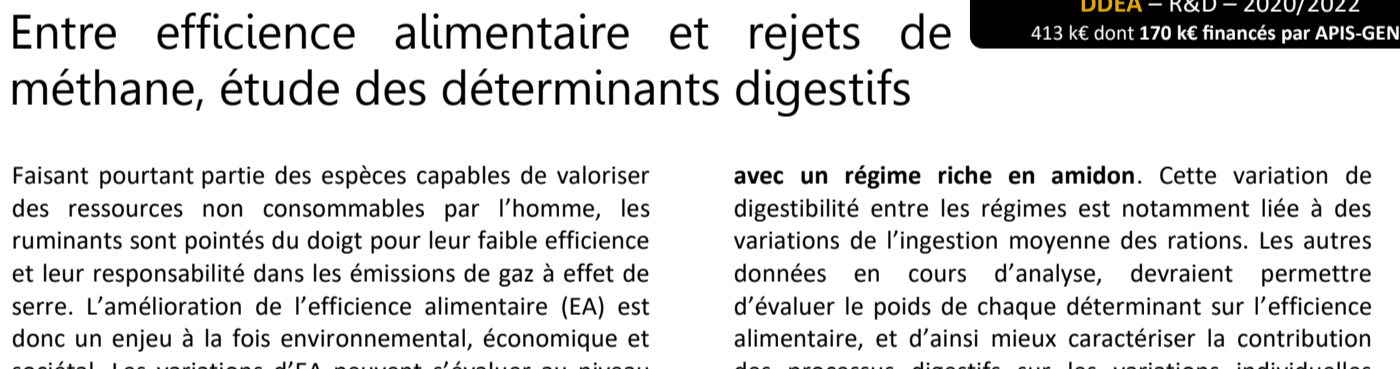
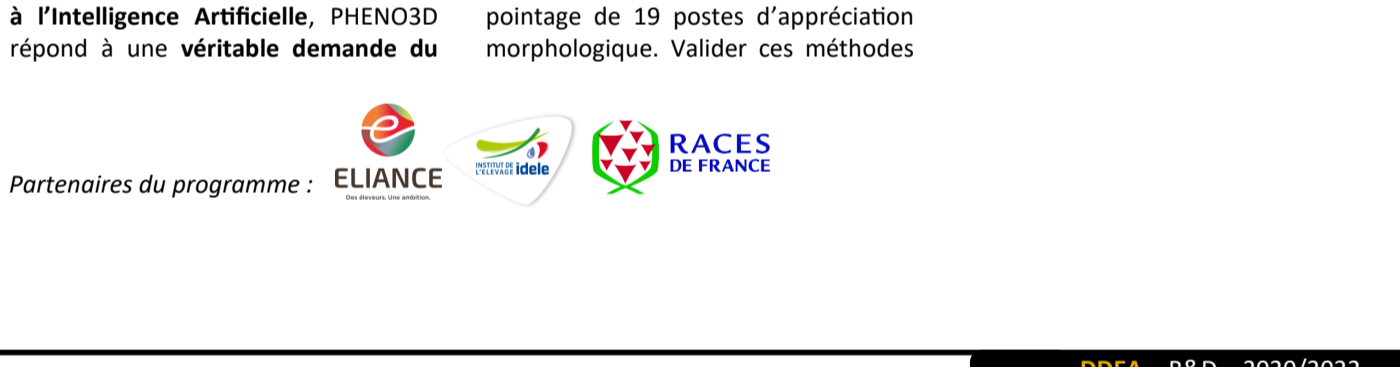
terrain, notamment du réseau Bovins Croissance qui a été la genèse de ce programme. Il capitalise sur l'existence d'un scanner 3D adapté au haut débit, développé par la société française 3D Ouest avec laquelle APIS-GENE a déjà collaboré au travers du programme ANR/APIS-GENE Defix. Le prototype de ce portique flexible, démontable pour être déplacé d'élevage en élevage, permet grâce à 10 caméras de photographier un animal en mouvement et d'ensuite reconstituer une image 3D unique. Après validation de la maquette industrielle par un groupe expert composé d'une dizaine de techniciens du réseau Bovins Croissance, le portique a été testé et éprouvé sur le terrain tant pour son adaptabilité à différents contextes d'élevage que par sa fiabilité à capter une information précise et répétable. Des modifications permettant de l'outil ont été apportées, techniques de valider un outil à la fois opérationnel pour la prise d'images 3D et fonctionnel pour un usage en élevage.

Les images 3D produites sont ensuite analysées par des méthodes d'Intelligence Artificielle, comme le machine learning ou le deep learning, pour prédire le poids et les notes de pointage de 19 postes d'appréciation morphologique. Valider ces méthodes

nécessite la constitution d'une base de données de grande ampleur, contenant à la fois des images 3D, les poids des animaux et leurs notes de pointage réalisées par trois pointeurs experts, base de données qui sera d'abord constituée en race Charolaise avant d'être déployée dans 9 autres races allaitantes. Afin d'assurer une bonne performance des prédictions, il est estimé que quelques 500 animaux devront être scannés par race, à coup de 4-5 images prises en rafale, de manière à constituer un échantillon d'apprentissage de 2 500 images. Maxence Bruyas (Eliance), coordinateur du programme, ajoute : « A terme, les résultats seront disponibles en temps réel, de manière à ce qu'à la fin de la session de mesure le technicien puisse avoir accès aux notes de pointage et aux pièces pour les valoriser directement avec l'éleveur, dans une logique de sélection des animaux et de tri du troupeau ».

En passant le preuve de concept et en visant la dévotion d'un dispositif pré-commercial en lien étroit entre les partenaires scientifiques et les professionnels, PHENO3D sera un premier pas vers le déploiement du phénotypage à haut débit par imagerie 3D.

Partenaires du programme :



Entre efficacité alimentaire et rejets de méthane, étude des déterminants digestifs

DDEA – R&D – 2020/2022
413 K€ dont 170 K€ financés par APIS-GENE

Faisant pourtant partie des espèces capables de valoriser des ressources non consommables par l'homme, les ruminants sont pointés du doigt pour leur faible efficacité et leur responsabilité dans les émissions de gaz à effet de serre. L'amélioration de l'efficacité alimentaire (EA) est donc un enjeu à la fois environnemental, économique et sociétal. Les variations d'EA peuvent s'évaluer au niveau du troupeau, les facteurs responsables de ces variations étant bien connus. Mais peut-on sélectionner génétiquement les bovins sur l'efficacité alimentaire ? Dans l'absolu, cela semble réalisable, mais des questions se posent sur la pertinence des caractères à sélectionner et leurs impacts sur les autres caractères, notamment les émissions de méthane.

Aussi, il est nécessaire de comprendre les mécanismes et les facteurs responsables des variations individuelles de l'EA. Anticiper et prévenir les possibles effets environnementaux indésirables d'une sélection animale sur la seule EA était au cœur du programme DDEA, qui visait à améliorer la compréhension des mécanismes digestifs impliqués dans la variabilité individuelle de l'EA et celle des rejets de méthane et ainsi établir un lien entre elles.

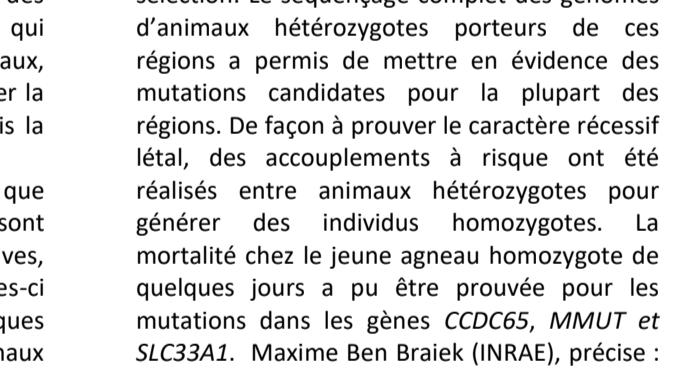
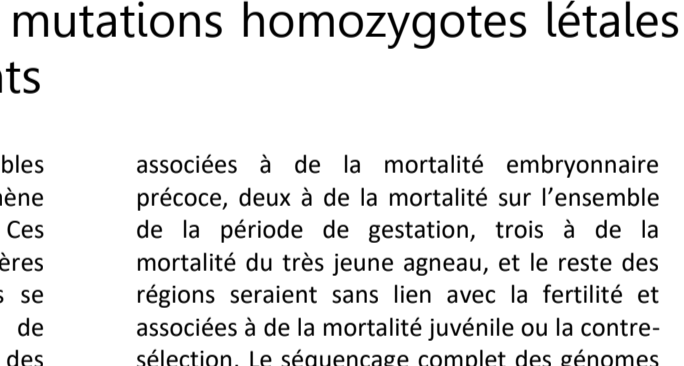
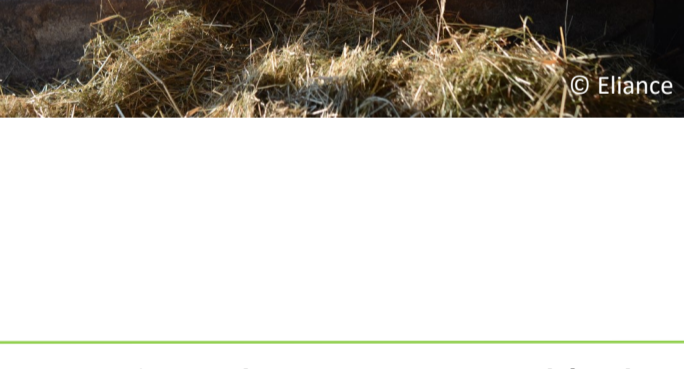
Capitalisant sur le dispositif de la thèse APIS-GENE EFFICIENCE, les mesures individuelles d'EA et d'émissions de méthane ont été réalisées sur 100 jeunes bovins Charolais en engraissement alimentés avec des régimes contrastés (amidon vs cellulose). Des mesures supplémentaires pour analyser des processus digestifs (digestibilité, transit, anatomie du tube digestif) et le comportement alimentaire ont été réalisées sur les 32 animaux extrêmes du dispositif, c'est-à-dire sur les 16 jeunes bovins les plus efficaces et les 16 moins efficaces. Il a ainsi été montré qu'il n'est pas possible, au sein d'un même régime, de discriminer les animaux efficaces des non-efficaces sur la base uniquement de leur digestibilité. Mais entre les deux régimes, des différences s'observent ! En moyenne, les animaux alimentés avec un régime riche en cellulose ont mieux digéré leur ration que ceux alimentés

avec un régime riche en amidon. Cette variation de digestibilité entre les régimes est notamment liée à des variations de l'ingestion moyenne des rations. Les autres données en cours d'analyse, devraient permettre d'évaluer le poids de chaque déterminant sur l'efficacité alimentaire, et d'ainsi mieux caractériser la contribution des processus digestifs sur les variations individuelles d'efficacité alimentaire.

Le système GreenFeed a été utilisé sur l'ensemble des 100 jeunes bovins de l'effectif pour quantifier leurs émissions de gaz à effet de serre et a permis d'établir le lien entre émissions de méthane et EA. Peu d'études avaient jusqu'alors été réalisées sur ce sujet, surtout sur un dispositif animal aussi important. Les animaux qui ingèrent plus de matière sèche que nécessaire pour assurer leurs besoins d'entretien ou de croissance émettent plus de méthane, avec une augmentation des émissions de l'ordre de 26 g/j par kilogramme de matière sèche supplémentaire ingérée, et ce quel que soit leur régime.

Les résultats de DDEA, couplés à ceux des programmes de grande ampleur comme BEEFALIM (APIS-GENE) ont ainsi vocation à raisonner les programmes éventuels à prendre en compte dans les schémas de sélection des bovins dans une perspective de durabilité de l'élevage des éleveurs viande.

Partenaires du programme :



Du côté des Doctorants

HomLet, détection de mutations homozygotes létales chez les petits ruminants



Maxime Ben Braiek
INRAE

C. Moreno-Romieux et S. Fabre (INRAE)

L'apparition de mutations responsables d'anomalies génétiques est un phénomène normal et qui peut être héréditaire. Ces mutations peuvent être plus ou moins délétères et entraîner des défauts morphologiques se traduisant par exemple par des encoches de couleuvre ou de type de toison, ou encore des anomalies squelettiques ou musculaires qui affectent la santé et le bien-être des animaux, et qui dans le pire des cas peuvent entraîner la phase embryonnaire jusqu'à l'âge adulte.

Mais certaines mutations ne s'expriment que lorsque les deux copies d'un même gène sont mutées, on parle alors de mutations récessives, et les animaux sont dits homozygotes. Celles-ci ont d'évidentes conséquences économiques pour les filières. Dans les populations d'animaux d'élevage soumises à une sélection, la fréquence de ces mutations délétères peut augmenter en raison de la consanguinité, de la dérive génétique et/ou par leur liaison à un avantage sélectif des porteurs hétérozygotes sur les caractères en sélection.

La mise en place du génotypage depuis les années 2015/2017 pour les petits ruminants a permis de générer un nombre considérable de données à haut-débit, qui sont mises à contribution dans la thèse HomLet pour mettre en évidence et identifier de nouvelles mutations récessives délétères chez les petits ruminants laitiers.

Toutes les anomalies ne sont pas repérables par le phénotype, notamment si elles touchent les embryons. Pour les détecter, on utilise une méthode dite de génétique inverse. Elle consiste à mettre en évidence des régions du génome qui ne sont jamais ou que très rarement présentes à l'état homozygote. En filière ovine, les mâles sont génotypés avec la puce à basse densité à partir de 1 mois. Ainsi, des déficits en homozygotes nous ont permis de découvrir que les animaux homozygotes n'ont pas été candidats au génotypage, soit parce qu'ils sont morts, soit parce qu'ils ont été écartés volontairement du processus de sélection car ils présentaient des problèmes de santé ou n'étaient pas conformes aux standards de la race. Par cette analyse, douze régions indépendantes montrant un déficit très significatif d'animaux homozygotes ont été identifiées dans les deux races ovines laitières Lacune et Manech Tête Rousse. L'analyse des effets de ces régions sur les caractères de fertilité (réussite à l'IA et taux de mort-nés) dans les accouplements « à risque » permet de faire l'hypothèse que deux de ces régions sont

associées à de la mortalité embryonnaire précoce, deux à de la mortalité sur l'ensemble de la période de gestation, trois à de la mortalité du très jeune agneau, et le reste des régions seraient sans lien avec la fertilité et associées à la mortalité juvénile ou la contresélection. Le séquençage complet des génomes d'animaux hétérozygotes porteurs de ces régions a permis de mettre en évidence des mutations candidates pour la plupart des régions. De façon à prouver le caractère récessif létal, des accouplements à risque ont été réalisés entre animaux hétérozygotes pour générer des individus homozygotes. La mortalité chez le jeune agneau homozygote de quelques jours a pu être prouvée pour les mutations dans les gènes CDC65, MMUT et SIC3A1. Maxime Ben Braiek (INRAE), précise : « A titre d'exemple, nous avons pu mettre en évidence une mutation létale qui crée un codon stop dans le gène CDC65 (empêché son expression) en Lacune associée à de la « dyskésie iliaque » qui sensibilise les jeunes agneaux aux infections pulmonaires. Ces infections associées à une détresse respiratoire conduisent à une mort des agneaux entre 15 jours et 1 mois d'âge ». Par ailleurs, trois haplotypes semblent être associés à des mutations dans des gènes déjà connus chez les ovins en lien avec la sensibilité aux mammites (SOCS2), la couleur de toison noire (ASIP) et l'absence de cornes (RXFP2), elle-même liée à une nouvelle mutation identifiée durant ce travail de thèse pour être responsable de cryptorchidie en Manech Tête Rousse (RXFP2).

A l'heure actuelle, le nombre de génotypes informatifs pour réaliser cette approche de génétique inverse n'est pas encore suffisant pour trouver de telles mutations dans les trois autres races laitières ovines ou chez les caprins, mais les prochaines campagnes de génotypages devraient permettre d'y remédier. Le succès de la thèse HomLet constitue une base solide pour la création d'un observatoire des anomalies génétiques en petits ruminants en cours de création dans le cadre du projet PRESAGE (<https://idele.fr/presage/>).

En dehors de la découverte de nouvelles mutations par les analyses à venir, lorsque l'effet des mutations déjà identifiées sera confirmé, leur intégration dans les schémas de sélection pourra être réalisée afin de limiter les accouplements à risque entre animaux porteurs. Ceci passera par la présence de cas mutations sur les puces de génotypage utilisées pour la sélection génomique, comme c'est actuellement le cas en bovin (programmes BOVANO ou EFFITNESS).

Articles scientifiques

Ben Braiek et al. Genet Sel Evol 53, 41 (2021)

Ben Braiek et al. Genes (Basel). (2021)

Vers une évaluation de l'évaluation génomique !



Vous avez pu le lire dans cette rubrique au fil des numéros, la sélection génomique est une belle histoire, qui fait aujourd'hui référence dans notre secteur parmi les réussites terrain qui découlent de nos travaux de recherche. Principalement développés en bovins laitiers depuis les années 2010, elle a été depuis étendue aux bovins allaitants et aux petits ruminants (ovins et caprins laitiers). Pour rendre possible ces travaux innovants réalisés par INRAE, Eliance et Idele, APIS-GENE a d'abord investi sur le développement d'une méthode, améliorée récemment via la mise au point du Single-Step, puis sur de nouveaux caractères comme les anomalies bovines ou plus récemment la paratuberculose, afin d'accroître en permanence l'offre de services aux éleveurs.

Si au cours des années, des études variées ont été publiées sur les apports de la génomique, elles restent majoritairement sectorielles, partielles et ne prennent pas en compte les évolutions récentes. APIS-GENE co-construit ainsi un projet d'objectivation des apports de la sélection génomique, dont le premier volet consistera en un travail technico/scientifique. Il a vocation à créer et caractériser des références pour montrer les gains permis sur les caractères en sélection dans les différentes races bovines françaises. Une fois sorties attendues est mieux préciser les besoins pour mener de nouveaux travaux de recherche en prenant en compte les structurations populationnelles des différentes races.

C'est un des enjeux d'APIS-GENE aujourd'hui que de rendre possible au plus grand nombre de races possible le maximum de caractères sélectionnables, souvent identifiés et utilisés seulement dans les races à effectifs importants. Ce premier volet devrait être suivi par un deuxième volet d'étude socio-économique, qui au-delà de la produire avec le premier volet scientifique d'excellentes bases, notamment de communication, devrait amener de nouvelles perspectives pour continuer à améliorer l'efficacité de nos filières.

CALENDRIERS

Salons

Salon International de l'Agriculture
25 fév. au 5 mars 2023 (Paris)

Assemblée Générale
8 fév. 2023 (Paris)

Rencontres Point d'Étapes - RPE du réseau Eliance
15 et 16 mars 2023 (Paris)

Les Matinales de la Recherche - Edition 2023
6 avr. 2023 (Paris)

Grand Angle Vlande
18 janv. 2023 (Paris et streaming dans les antennes Idele)

Webinaire de l'UMT STAR
19 janv. 2023

Grand Angle Lait
5 avr. 2023 (Paris et streaming dans les antennes Idele)

LE BON COIN DES ACTIONNAIRES

avec les soutiens financiers de :