

Chers partenaires,

Nous venons tout juste de clôturer la première phase de l'Appel A Projets 2023 et, bien entendu sans préjudice des résultats finaux, je me félicite que les projets soumis partagent la volonté d'obtenir des résultats profitables au terrain tout en couvrant à la fois la diversité de nos ruminants mais aussi des priorités de recherche d'EGER 4.0.

Nous avons d'ailleurs sélectionné, comme chaque début d'année le bilan des valorisations en Sélection Génétique. Si, reflet de la décapitalisation de nos élevages, son déploiement a tendance à ralentir en bovins laitiers et stagner en allaitants, nous avons relevé une belle première année de valorisation pour la résistance à la paratuberculose. Ce premier caractère de santé disponible en holstein était attendu par nos filières et les 130 000 index rendus ont bénéficié des interactions entre nos réseaux de distribution historique et celui des GDS.

Parmi nos priorités, la réduction des émissions de gaz à effet de serre est un enjeu que nos filières prennent à bras le corps et ont rappelé au SIA2023 en vedette de ce numéro. Le rapport synthétique du GIEC qui vient d'être publié rappelle qu'elles continuent d'augmenter et que si le réchauffement de la planète atteindra 1,5°C dès le début des années 2030, limiter ce réchauffement à 1,5°C et 2°C ne sera possible qu'en accélérant et en approfondissant dès maintenant la baisse des émissions.

C'est dans cet esprit qu'APIS-GENE porte le projet Méthane 2030 dont nous devrions connaître le résultat de son étude approfondie à l'AAP France 2030 « Résilience et capacités agro-alimentaires » dans les prochains semaines.

Bonne lecture.

David Perrin, Président

Sommaire

En vedette

Programmes à la Une

- **Épigénétique de la semence et phénotypes : quels sont les liens entre méthylation et génome ?**
- **Après les ovins et les caprins, les bovins laitiers travaillent aussi sur la résistance aux strongles gastro-intestinales**
- **Prédire la réussite et le moment de l'IA, quand le Big Data ne suffit pas**
- **La génomique, un levier de lutte contre la myosite éosinophilique ?**

Du côté des doctorants

- **PLACO, mélanges de populations de référence, une solution pour améliorer la précision d'index génomiques de populations à effectifs modérés ?**

Valorisation

- **La valorisation à tout bout de champs**

Calendriers

Le bon coin des actionnaires

En vedette : Au #SIA2023, les filières affirment leur engagement vers une décarbonation de l'élevage

« L'agriculture n'est pas un problème, elle est une solution » : nous avons avec nous des filières qui sont prêtes à prendre leur part. », a affirmé d'instinct après Béchère, Ministre de la Transition Écologique et de la Cohésion des territoires à l'occasion du lancement des travaux sur la feuille de route *Décarbonation de la filière bovine (lait et viande)*, signée par le CNIEL, Interbev et Interceles lors de l'édition 2023 du Salon International de l'Agriculture en présence de Marc Fesneau, Ministre de l'Agriculture. Cette feuille de route aura pour objectif de lister les pistes d'amélioration pour limiter l'impact des filières bovines laitières et allaitantes sur l'environnement.

Les leviers de réduction des Gaz à Effet de Serre reposent notamment sur la gestion du troupeau, dont la sélection génétique, l'alimentation des animaux, la gestion des déjections, le stockage du carbone, la réduction des consommations d'énergie ou encore la production d'énergies renouvelables. « Pour nous adapter à l'urgence du changement climatique, continuer d'atténuer notre empreinte carbone et accélérer les transitions, notre filière laitière doit aussi pouvoir compter sur la recherche et l'innovation. », affirme Ghislain de Viron, 1^{er} Vice-Président de la FNPL. Qu'à cela ne tienne ! Sous l'impulsion de ses actionnaires déjà très impliqués, APIS-GENE accompagne depuis plusieurs années les filières vers une durabilité des élevages et a pris à bras le corps la thématique de la réduction des émissions de méthane entérique au travers du soutien de plusieurs programmes de recherche collaboratifs avec INRAE, Idele, Eliance et les acteurs terrain privés principalement centrés sur les outils génomiques :

2014-2021
72 K€ sur 233 K€

Consortium Méthane
Identification et validation de marqueurs pour prédire la méthanogénèse entérique dans les stratégies d'atténuation du CH₄ chez les ruminants

2016-2019
198 K€ sur 381 K€

Microficient
Etude des relations entre le microbiote digestif et l'efficacité alimentaire chez les bovins allaitants et laitiers

2019-2024
480 K€ sur 801 K€

MethaBreed
Réduction des émissions de méthane entérique des vaches laitières via une stratégie globale de phénotypage et de sélection génomique

2022-2025
66 K€ sur 154 K€

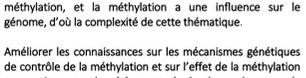
MethaFor
Formaliser les possibilités de sélection pour la réduction des émissions de méthane des vaches laitières

APIS-GENE est également porteur du projet filière Méthane 2030, projet collectif de grande ampleur déposé à l'AAP Résilience et capacités agro-alimentaires de France 2030. Ce projet ambitionne l'élaboration de solutions multi-leviers pour accélérer la réduction des émissions de méthane entérique dans les élevages bovins. Il capitalisera sur les déploiements pré-existants de la Sélection Génétique et de CAP2'ER* pour maximiser son impact.

PROGRAMMES À LA UNE

La Science avance pour nos Filières !

Épigénétique de la semence et phénotypes : quels sont les liens entre méthylation et génome ?



Ces 10 dernières années, l'épigénétique se positionne comme un champ d'investigation innovant, et les sujets de recherche sur ce thème ont explosé et compris pour les populations animales. L'épigénétique est une strate modulaire de l'expression des gènes. Elle intègre l'effet de l'environnement sur l'expression du génome d'un individu et explique une part variable des différences entre individus en fonction des caractères étudiés. En effet, des facteurs environnementaux, comme l'alimentation, peuvent modifier la façon dont est lue la séquence d'ADN. On parle alors de marques épigénétiques dont la principale étudiée est la méthylation de l'ADN, c'est-à-dire l'ajout d'un groupement méthyle sur une cytosine (une des 4 bases qui constitue l'ADN). Sur le génome des spermatozoïdes, elle peut s'avérer cruciale pour la fertilité mâle en affectant le développement de l'embryon ou encore, à plus long terme, le phénotype du descendant. Une partie de ces marques peut aussi être transmise à la descendance.

Il faut savoir que ces marques épigénétiques sont en partie sous contrôle de marqueurs génétiques. On peut donc considérer que la sélection génomique prend donc déjà en compte leur effet sur les caractères. Mais d'autres marques, modulées par des variations environnementales ou physiologiques, portent une information complémentaire à l'information génétique : c'est cette part que l'on cherche justement à élucider.

Par ailleurs, les scientifiques font l'hypothèse que les cytosines méthylées ont tendance à muter, faisant de la méthylation de l'ADN des gènes un des moteurs de l'évolution des animaux. Le génome a une influence sur la méthylation, et la méthylation a une influence sur le génome, et/ou la complexité de cette thématique.

Améliorer les connaissances sur les mécanismes génétiques de contrôle de la méthylation et sur l'impact de la méthylation spermatique sur le phénotype de la descendance et la

dynamique du génome bovin est un enjeu de taille, et ce sujet est au cœur du programme POLYPHEME, cofinancé par l'ANR. Ce programme s'appuie sur des technologies développées dans le Laboratoire Partenarial Associé EPSILON (LPA Eliance/INRAE) ainsi que sur l'expertise en génétique de l'équipe INRAE Eliance et le Génétique Bovine (G2B), et est également en interface avec un workpackage du programme Européen H2020 RUMIGEN dont le dispositif expérimental est partagé.

« La triple complémentarité entre les vœux APIS-GENE et ANR de POLYPHEME et RUMIGEN est un atout pour explorer cette thématique, et malgré les apports supplémentaires que cela implique, elle comporte beaucoup de puissance aux analyses qui seront faites », explique Hélène Kieffer (INRAE), coordinatrice du programme. En effet, initialement réfléchis séparément, les dispositifs expérimentaux sont repensés pour maximiser l'exploitation des échantillons et les ressources.

Les premiers travaux consistent à étudier le contrôle génétique et donc l'héritabilité de ces marques épigénétiques parentelles. Pour cela, des échantillons de semence de près de 500 taureaux de race Holstein ont déjà été collectés. En parallèle, le dispositif expérimental contient également plusieurs éjaculats de chaque taureau, prélevés à des moments différenciés de la vie de l'animal, qui permettront ainsi de s'affranchir des biais génétiques pour mieux mettre en évidence des phénomènes de transmission épigénétique. Les extractions d'ADN et les séquençages sont en cours et devraient livrer prochainement leurs secrets. D'autre part, un dispositif unique tirant parti de la contribution très importante de certains taureaux au génome de vaches actuellement sur pied a été constitué afin d'étudier l'association entre la méthylation spermatique de taureaux de générations intermédiaires et la présence de nouvelles mutations chez les vaches.

Les résultats devraient fournir de nouvelles opportunités pour la sélection génomique, en matière d'adaptation, de robustesse, de résilience ou de gestion des troupeaux. « Les synergies entre les programmes permettront d'avoir des conclusions solides sur l'utilisation de l'information épigénétique dans des procédures de routine ». En effet, les modèles permettant de prendre en compte l'information épigénétique dans ces procédures pourront être raffinés par la possibilité de tester non seulement les apports paternels, mais aussi ceux des filles en production. En fonction des résultats qui seront obtenus, des applications supplémentaires peuvent être envisagées.

Partenaires du programme :

Souveraineté Alimentaire. Gérer le parasitisme est ainsi l'un des facteurs principaux pour un pâturage maîtrisé. Les bovins en contact régulier avec les parasites vont peu à peu acquérir une immunité permettant de réguler le nombre de strongles gastro-intestinales et donc les conséquences pathologiques. Mais, l'acquisition de cette immunité est longue, ce qui nécessite de mettre en place des plans de contrôle, le plus souvent par des traitements anthelmintiques. Or, les filières sont engagées dans une approche « One Health, one welfare » qui vise à réduire ces traitements qui viennent un impact environnemental et l'apparition de résistance des strongles.

L'acquisition de la résistance aux strongles de l'intestin et de la caillette est un facteur génétique. C'est tout l'objet du programme GIVERNI, qui ambitionne de développer une évaluation génomique de la résistance aux strongles et d'élaborer de nouvelles stratégies durables de contrôle

intégrés des stronglyoses bovines. La première étape du programme consiste à recruter des animaux qui pâturent et sont donc au contact des strongles gastro-intestinaux. Une fois génotypés et phénotypés, près de 3000 génisses Holstein en période de saison de pâturage, et donc pour lesquelles l'impact des strongles sera le plus important, constitueront une population de référence. Grâce au partenariat avec le GDS Grand Ouest et innoval, 300 élevages devraient être recrutés dans les régions Bretagne, Pays-de-la-Loire et Normandie. Des prélèvements de salive, de fèces et de sang seront réalisés pour tester différents indicateurs du niveau d'infestation. Pauline Martin (INRAE), coordinatrice du programme, ajoute : « D'un point de vue scientifique, et les partenaires du projet possèdent toutes les méthodes et les expertises. Le point clef ne se situe donc pas sur un verrou technique mais sur le recrutement de suffisamment d'élevages et le nombre de prélèvements. C'est un travail massif que nous ne pourrions réaliser sans le concours des réseaux GDS et d'Innoval. C'est un programme qui s'appuie sur les différents acteurs, dès les élevages ».

Ce travail de recrutement d'envergure, déjà commencé notamment sur la région Bretagne, sera la base pour toutes les analyses. Les prélèvements auront lieu à la rentrée des animaux en étable, dès l'automne 2023. Face à la quantité d'échantillons qui seront à analyser, un appel d'offre auprès des laboratoires départementaux a été lancé au mois de février, et un chaînage logistique a été mis en place. En parallèle, des webinaires de formation à destination des vétérinaires ont été organisés début avril par le partenariat Oniris, de manière à mobiliser le réseau le plus largement possible.

Une fois les analyses et les génotypes réalisés selon les temps de l'étude génétique. Classiquement, le caractère de résistance/sensibilité au parasite sera défini, les paramètres génétiques estimés, et l'architecture génétique explorée. De là à mettre en place une évaluation génomique et élaborer du conseil en gestion intégrée du parasitisme, il n'y aura qu'un pas.

Partenaires du programme :

Après les ovins et les caprins, les bovins laitiers travaillent aussi sur la résistance aux strongles gastro-intestinales

Les bovins qui pâturent sont exposés aux nématodes, parasites qui vont se développer dans la caillette ou l'intestin des ruminants.

Ostertagia ostertagi, le plus fréquent et le plus pathogène, et *Cooperia oncophora*, sont ceux qui vont principalement infester les bovins, jeunes comme adultes. Ces strongles gastro-intestinaux vont provoquer des baisses d'appétit, et par conséquent des baisses d'ingestions qui vont se traduire par des performances diminuées. Passé un certain niveau d'infestation, les parasites vont être responsables de diverses pathologies altérant la santé et le bien-être des animaux : diarrhées, déshydratation, perte d'état... Ils peuvent même, dans de rares cas, entraîner la mort des animaux.

Outre ses avantages économiques, le pâturage est l'un des leviers de la transition agroécologique, véritable vecteur de biodiversité et d'amélioration de la qualité de notre environnement (Ministère de l'Agriculture et de la Souveraineté Alimentaire). Gérer le parasitisme est ainsi l'un des facteurs principaux pour un pâturage maîtrisé. Les bovins en contact régulier avec les parasites vont peu à peu acquérir une immunité permettant de réguler le nombre de strongles gastro-intestinaux et donc les conséquences pathologiques. Mais, l'acquisition de cette immunité est longue, ce qui nécessite de mettre en place des plans de contrôle, le plus souvent par des traitements anthelmintiques. Or, les filières sont engagées dans une approche « One Health, one welfare » qui vise à réduire ces traitements qui viennent un impact environnemental et l'apparition de résistance des strongles.

L'acquisition de la résistance aux strongles de l'intestin et de la caillette est un facteur génétique. C'est tout l'objet du programme GIVERNI, qui ambitionne de développer une évaluation génomique de la résistance aux strongles et d'élaborer de nouvelles stratégies durables de contrôle

intégrés des stronglyoses bovines. La première étape du programme consiste à recruter des animaux qui pâturent et sont donc au contact des strongles gastro-intestinaux. Une fois génotypés et phénotypés, près de 3000 génisses Holstein en période de saison de pâturage, et donc pour lesquelles l'impact des strongles sera le plus important, constitueront une population de référence. Grâce au partenariat avec le GDS Grand Ouest et innoval, 300 élevages devraient être recrutés dans les régions Bretagne, Pays-de-la-Loire et Normandie. Des prélèvements de salive, de fèces et de sang seront réalisés pour tester différents indicateurs du niveau d'infestation. Pauline Martin (INRAE), coordinatrice du programme, ajoute : « D'un point de vue scientifique, et les partenaires du projet possèdent toutes les méthodes et les expertises. Le point clef ne se situe donc pas sur un verrou technique mais sur le recrutement de suffisamment d'élevages et le nombre de prélèvements. C'est un travail massif que nous ne pourrions réaliser sans le concours des réseaux GDS et d'Innoval. C'est un programme qui s'appuie sur les différents acteurs, dès les élevages ».

Ce travail de recrutement d'envergure, déjà commencé notamment sur la région Bretagne, sera la base pour toutes les analyses. Les prélèvements auront lieu à la rentrée des animaux en étable, dès l'automne 2023. Face à la quantité d'échantillons qui seront à analyser, un appel d'offre auprès des laboratoires départementaux a été lancé au mois de février, et un chaînage logistique a été mis en place. En parallèle, des webinaires de formation à destination des vétérinaires ont été organisés début avril par le partenariat Oniris, de manière à mobiliser le réseau le plus largement possible.

Une fois les analyses et les génotypes réalisés selon les temps de l'étude génétique. Classiquement, le caractère de résistance/sensibilité au parasite sera défini, les paramètres génétiques estimés, et l'architecture génétique explorée. De là à mettre en place une évaluation génomique et élaborer du conseil en gestion intégrée du parasitisme, il n'y aura qu'un pas.

Partenaires du programme :

Prédire la réussite et le moment de l'IA, quand le Big Data ne suffit pas

Si l'agriculture génère un grand nombre de données, l'élevage n'y est pas pour rien ! Entre capteurs, robots et génotypes, le Big Data est une réalité pour les exploitations françaises. Exploitées et analysées, cette masse de données est un réel atout pour prédire avec efficacité des événements complexes et multifactoriels, comme la fertilité. Selon Reproscope, l'observatoire de la reproduction des bovins en France, 51% des vaches laitières sont fécondées à la 1^{ère} IA sur la campagne 2018/2019. Ce chiffre augmente légèrement pour atteindre les 57% pour les vaches allaitantes. L'amélioration de la fertilité des élevages apparaît alors clairement comme un levier d'amélioration de l'efficacité des exploitations agricoles et des coopératives d'insémination, à la fois par l'amélioration des performances de reproduction, mais aussi en anticipant au mieux les inséminations.

DANS ce contexte, le programme PREDIA vise à évaluer la faisabilité de la prédiction de la réussite et de l'occurrence des inséminations chez les bovins laitiers et allaitants en recourant à l'Intelligence Artificielle (Machine Learning) grâce aux nombreuses données disponibles en élevage, tant au niveau des bases nationales que dans les coopératives, chez les intervenants en élevage ou encore chez les éleveurs eux-mêmes.

Grâce aux coopératives d'insémination (Coopelco, Eleveurs des Savoie, CEUNA, CIAEL, XR Repro, Groupe Altica et Geniastes) qui se sont impliqués dans ce projet innovant et ont recueilli les consentements des éleveurs, une base de données composée de 7 506 élevages laitiers et allaitants a été constituée. En parallèle, après un retour favorable de France Génétique Élevage, les données de 1 432 102 bovins ayant eu une IA entre 2010 et 2020 dans un cheptel ayant signé le consentement ont été obtenues par extraction directe du SNIG (Système National d'Information Génétique), ce qui représente 6 475 707 IA sur 10 ans. Afin de pouvoir détecter les femelles

Les conclusions du programme mettent néanmoins en lumière plusieurs éléments. Tout d'abord, que le volume de données ne conditionne pas la précision des équations de prédiction si les données de départ ne sont pas suffisamment informatives. De plus, l'application et la prédiction sont deux choses différentes, et des facteurs de risque ou de réussite déjà identifiés dans des projets antérieurs s'ajoutent avant peu intéressants en termes de prédiction. Enfin, si l'apport des données additionnelles semble prometteur, les difficultés d'harmonisation de ces données et leur faible volume ont eu raison des gains envisagés. « Nous avons une disposition beaucoup de données agricoles, mais il reste à faire un gros travail d'harmonisation et d'exhaustivité des bases de données pour les valoriser au mieux » conclut Pascal Salvetti.

Qu'à cela ne tienne ! De nouvelles pistes sont d'ores-et-déjà en réflexion, concernant les types de données à mobiliser pour ces prédictions ou sur la réduction du périmètre en termes d'élevages considérés.

Des sérums sanguins ont également été réalisés et sont en cours d'analyses pour déterminer des biomarqueurs pertinents de la sensibilité/résistance aux lésions de myosite éosinophilique afin d'identifier les animaux à fort risque avant leur abattage. La voie génétique compte donc parmi les pistes prometteuses permettant de limiter les saisies en abattoir, coûteuses pour l'ensemble de la filière.

Partenaires du programme :

La génomique, un levier de lutte contre la myosite éosinophilique ?

Carcasse présentant des lésions de myosite éosinophilique (© J.M. Cappelier)

Son nom ne vous dit peut-être rien, pourtant la sarcosporidiose est une maladie très répandue dans nos populations bovines. Alors, pourquoi est-elle peu connue ? Cette maladie parasitaire est peu observée, les bovins étant la plupart du temps asymptomatiques (GDS). Pourtant, le parasite peut conduire à la formation de kystes, petites lésions verdâtres, au niveau du muscle. On parle alors de lésions de myosites éosinophiliques, qui entraînent généralement la saisie totale de la carcasse à l'abattoir. Même si l'apparition de ces lésions est rare, elle est en augmentation et se traduit, à l'échelle nationale, par un impact économique estimé à 3 millions d'euros par an. La plupart des animaux étant asymptomatiques, et les lésions n'étant visibles qu'après abattage des animaux, les moyens de lutte actuels sont assez restreints. Cependant, une composante génétique dans la sensibilité d'apport de ces lésions a été mise en évidence (AI FGE GMyosEo - portage AURIVA Élevage).

Dans la continuité de cette étude, GMyosEo2 vise à réduire la proportion d'animaux saisis en abattoir pour cause de myosite éosinophilique par le développement d'une sélection génomique d'animaux « résistants » et par l'adaptation des conduites d'élevages afin de maîtriser les facteurs déclencheurs.

Pour réaliser une évaluation génomique, les scientifiques ont besoin d'une base de données constituée à la fois des animaux atteints et non-atteints de lésions de myosite éosinophilique. Établie pour 12 races (Blonde d'Aquitaine, Aubrac, Brunne, Salers, Limousine, Charolaise, Rouge des Prés, Montbeliarde, Bleu du Nord/Blanc Bleu, Normande,

Holstein et Parthenaise) et les croisées, cette base de données est constituée par les apports réguliers de 5 Fonds d'Assainissement Régional (FAR) qui comprennent les éleveurs pour les carcasses saisies, en complément de la base 2009-2014 constituée à façon par Idele pour une étude antérieure. « Grâce aux apports des FAR et à la dernière mise à jour bisannuelle des données, notre base de données est désormais composée de 15 192 animaux saisis dont 12 668 femelles des 12 races cibles, et de plus de 9,7 millions de femelles myosites éosinophiliques et de plus de 9,7 millions de femelles contemporaines non atteintes », explique Hélène Leclerc (Eliance), coordinatrice du programme. « On commence à avoir un nombre de données conséquent pour estimer des paramètres génétiques, surtout en Blonde d'Aquitaine, race pour laquelle on a le plus de données », ajoute Hélène Leclerc.

Dans un même temps, des génotypes supplémentaires sont réalisés en Blonde d'Aquitaine, race semblant plus prédisposée à l'apparition de lésions de myosite éosinophilique à partir d'un réseau d'élevage constitué pour ce projet. Composé de 43 élevages, 29 élevages « CAS » et 14 élevages « TÊMOINS », il permet de constituer une population de référence de taille conséquente, à la fois pour développer une évaluation génomique en augmentant la proportion d'animaux atteints génotypés et pour rechercher des biomarqueurs et phénotypes prédictifs précoces du développement de myosite éosinophilique. Des enquêtes réalisées dans ce réseau d'élevages ont déjà permis de mettre en lumière plusieurs facteurs favorisant le développement de ces lésions, à commencer par la gestion du pâturage et la situation sanitaire générale (coccidiosis, paratuberculose et vaccinations) de l'élevage.

Au sein des élevages « CAS », 1 682 femelles ont fait l'objet d'une biopsie avant leur départ à l'abattoir. Près de 500 de ces femelles sur les 2 000 prélevées ont pour l'instant été génotypées. 220 prélèvements ont également été réalisés sur des carcasses d'animaux saisies en abattoir. Grâce à ces échantillons, des analyses génétiques pourront être réalisées dans la suite du programme.

Des sérums sanguins ont également été réalisés et sont en cours d'analyses pour déterminer des biomarqueurs pertinents de la sensibilité/résistance aux lésions de myosite éosinophilique afin d'identifier les animaux à fort risque avant leur abattage. La voie génétique compte donc parmi les pistes prometteuses permettant de limiter les saisies en abattoir, coûteuses pour l'ensemble de la filière.

Partenaires du programme :

PLACO, mélanges de populations de référence, une solution pour améliorer la précision d'index génomiques de populations à effectifs modérés ?

Depuis respectivement 2015 et 2018, les différentes races ovines laitières et caprines laitières sont entrées dans l'ère de la sélection génomique, qui aujourd'hui permet une sélection plus précoce sur la voie mâle et demeurera à termes, en plus de la réduction de l'intervalle de génération, un gain de précision de l'index par rapport aux évaluations classiques sur pedigree. Cependant, en comparaison à ceux observés chez les grandes races bovines comme la Holstein, ces gains restent modérés. Héritabilité, taille et composition de la population de référence, le nombre de facteurs pouvant influencer sur la précision des évaluations génomiques sont grands. Comment est-il alors possible, pour ces espèces aux effectifs plus petits que les races bovines en laitières, d'améliorer la précision des évaluations ? La population de référence pourrait être une piste intéressante de travail.

En effet, plus elle sera grande et représentative de la diversité des candidats, plus grande sera la précision de l'évaluation génétique. Toutefois, pour les populations où il n'est pas possible de l'augmenter, le mélange de populations de références et la création de connexions génétiques entre populations proches, associées à une évaluation génomique conjointe, constituent une stratégie à évaluer.

La thèse PLACO vise à évaluer l'effet d'une mise en place des plans de connexion optimaux ou des programmes de sélection multi-populations pour accroître l'efficacité de la sélection génomique pour des populations génétiquement proches.

Marine Wicki (Idele) s'est d'abord concentrée sur la race ovine Lacune lait, qui a la particularité d'avoir deux noyaux de sélection depuis la création d'une 2^{ème} entree de sélection de la race en 1972. Actuellement, pour ces populations, les indexations sur génomiques sont réalisées en considérant une population de référence unique composée des deux noyaux, entre lesquels les échanges sont très faibles. Bien que peu connectés, ces sous-populations restent génétiquement proches, mais la divergence entre-elles semble augmenter au fil des années. Dans l'objectif d'évaluer l'impact de

la suppression d'un de ces noyaux sur la précision des index, plusieurs évaluations génétiques ont été simulées, en considérant un noyau, l'autre, ou les deux dans la population de référence. Les faibles gains de précision entre les scénarios avec un noyau ou les deux (pour lequel on double la taille de la population de référence) traduisent une faible contribution d'une sous-population à l'autre. Par ailleurs, une étude de l'effet des SNP, petites variations, du génome, montrent qu'il n'est pas possible d'utiliser la population de référence d'une des deux ES pour prédire directement les performances des animaux de la seconde. Marine Wicki complète : « Si l'on considère une population de référence globale, les effets des SNP restent adaptés pour prédire les performances des animaux des deux ES. On peut cependant se demander si, dans quelques années, elles n'auraient pas trop divergé, au risque de mal prédire les performances de l'une et/ou de l'autre. Inversement on peut se demander si accroître la connexion entre les deux populations aboutiraient à un gain de précision des évaluations génétiques ».

La doctorante poursuit sa thèse à l'Animal Genetics and Breeding Unit (AGBU) à Armidale, en Australie. « Ici, l'objectif est de voir s'il est possible de prédire les performances de la Dohne Mérinos, une race importée dans les années 90 qui a peu de génotypes et qui n'est donc pas en sélection génomique, en se basant sur une large population de référence, celle de la race prédominante Mérinos, les deux races étant supposées proches », explique Marine Wicki.

A son retour en France, la suite de la thèse consistera en des travaux de simulations d'une part, à mimer la mise en place d'échanges entre les deux sous-populations et d'étudier l'impact que peuvent avoir ces échanges en termes de précision ; et d'autre part, à étudier le niveau de perte de précision en cas de déconnexion totale des populations, comme cela pourrait être le cas avec le temps en absence totale de connexion, à cause de la dérive

CALENDRIERS

Réunions à venir

- Partenariat**
Comité de Suivi Accord cadre INRAE/APIS-GENE
27 Avril 2023
- Comité Scientifique Opérationnel**
30 mai 2023
- Comités Stratégiques**
• 16 Mai 2023
• 14 Juin 2023

LE BON COIN DES ACTIONNAIRES

- L'élevage engagé face aux défis du changement climatique**
31 mai 2023 - 12h à 18h (Paris)
- Journée mondiale du lait**
1 Juin 2023
- 8ème édition des Rencontres MADE IN VIANDE**
10 au 17 mai 2023
- Webinaire de l'UMT PSR**
26 avr. 2023 - 14h à 17h
- Conférences Marchés Mondiaux Lait et Viande**
7 et 8 Juin (FIAP Jean Monnet - Paris)
- eBS Actu - webinaire de l'EBIS**
13 Juin 2023
- Grand Angle Lait 2024**
3 avr. 2024 (Paris et streaming dans plusieurs antennes Idream)

avec les soutiens financiers de :

Si vous vous désinscrivez vous ne recevrez plus de mail d'information de notre part. Pour être supprimé de nos bases de données, veuillez contacter administration@apisgene.fr. Pour être sûr(e) de recevoir nos messages dans votre boîte de réception, merci d'ajouter administration@apisgene.fr à votre carnet d'adresses.