APIS-GENE news

n°11| 07/2023

Chers partenaires,

A l'heure de la mi-temps annuelle, nous sommes plus que jamais dans le match, car, ça y est, le projet Méthane 2030 est officiellement soutenu par l'Etat Français au travers du plan d'investissement d'avenir France 2030. Et, soutenu est le terme qui convient, car en complément de l'apport significatif de l'Etat sans lequel ce projet majeur pour la filière ne serait pas possible, APIS-GENE va y porter 5 M€ et y investir plus de 3,5M€. Car en effet, nous partageons une des réflexions de Jean-Marc Jancovici : "*Le problème climatique est une affaire de quantité. La solution est aussi une affaire de quantité* " et allons, au-delà de cet investissement d'importance inédite pour APIS-GENE, la mettre en œuvre et la traduire par une baisse drastique des émissions de méthane entérique des élevages bovins français. Mais rassurez-vous, bien que l'investissement soit important, ce programme vient compléter les programmes soutenus par APIS-GENE et s'intégrant dans notre plan d'investissement sans remise en cause de notre fonctionnement habituel et notamment de nos futurs AAP.

Je suis totalement confiant et enthousiaste, car l'année qui vient de s'écouler cadencée par les différentes phases de sélection du projet a montré un tour de table partenarial public/privé, robuste, motivé, capitalisant sur des historiques de collaborations effectives et sur des expertises acquises au travers de projets récents. Et que dire de la mobilisation de la filière bovine convaincue et actrice de la décarbonation, soutient essentiel au projet !

La science va au travers de ce projet de 4 ans donner les leviers dont elle est aujourd'hui capable avec une approche transdisciplinaire, mutualisée et désiloté avec comme objectif la réduction effective et durable des émissions de méthane bovins.

Je souhaite pleine réussite à Méthane 2030, projet d'envergure porteur de solutions climato-intelligentes.

Bonne lecture,

Daniel Perrin, Président

Sommaire

En vedette

Programmes à la Une

- Imagerie et vidéo, le futur du phénotypage de l'efficience alimentaire ?
- Survie des animaux : et la génétique dans tout ça ?
- IA et semence de bélier : quelles molécules pour optimiser les process ?
- La phosphorylation des caséines du lait : pourquoi, comment et quelles pistes de progrès ?

Du côté des doctorants

MethaFor, réduire les émissions de méthane : vers une sélection génomique des vaches laitières ?

Valorisation

Tant vaut la préparation, vaut l'action !

Calendriers

Le bon coin des actionnaires

En vedette : De nouveaux programmes en 2023

Les années se suivent et se ressemblent, du moins en partie ! APIS-GENE a ouvert en 2023 son Appel A Projets annuel à l'ensemble des projets de recherche — amorçage, R&D, finalisation et développement technologique — et aux thèses.

Cinq projets ont ainsi été labellisés par APIS-GENE. Ces projets couvrent trois des quatre axes du programme scientifique d'APIS-GENE EGER 4.0 (Efficience Globale pour l'Elevage des Ruminants) :

- l'axe 1 : un animal durable pour accompagner la transition agroécologique
- l'axe 2 : santé et bien-être animal
- l'axe 3 : efficience reproductive

Des échanges restent en cours pour soutenir deux thématiques supplémentaires.

2023, c'est ainsi **près de 1,4 millions d'euros investis pour la recherche en génétique et génomique des ruminants, pour près de 4 millions d'euros de coût total de programmes**. C'est également **la labellisation de projets de finalisation/transfert**, réponse directe aux attentes des professionnels exprimées lors du séminaire 2022 d'APIS-GENE.

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.

01
TRANSEVAGENOC
Transfert et implémentation de la méthode d'évaluation des animaux croisés

02
INVITROUPEAU
Un troupeau de cellules souches embryonnaires bovines au service de la sélection génomique et de la recherche

03
PATERLEGACY
Impacts des sncRNAs paternels sur le développement embryonnaire bovin

04
ANEMBOV
Etudes des aneuploïdies chez les embryons bovins et les veaux

05
LOCO
Amélioration de la LOngévité chez les Caprins et les Ovins laitiers

PROGRAMMES À LA UNE

La Science avance pour nos Filières !

EPI² – Dev. Tech. – 2022/2024
156 k€ dont **156 k€ financés par APIS-GENE**

Imagerie et vidéo, le futur du phénotypage de l'efficience alimentaire ?

Le programme d'envergure BEEFALIM 2020 (APIS-GENE 2014 -2021) a montré la complexité et l'ampleur nécessaire pour phénotyper individuellement les bovins en vue d'une sélection sur le critère d'efficience alimentaire. Pourtant, améliorer l'efficience alimentaire de nos filières bovines, et particulièrement de celle des bovins allaitants à l'engraissement, n'est plus un sujet sur lequel il est possible de procrastiner, dans un contexte où la Cour des Comptes

régime alimentaire (ensilage de maïs et concentré vs ensilage de maïs et herbe), et 18 de ces génisses vont permettre de constituer une base de données composée des poids vif et ingestion individuelle, mais aussi de données cryptées des images et vidéos. Mohammed Ben Aouda (Institut Agro Dijon), coordinateur du programme, précise que « depuis que le dispositif est installé, nous nous sommes concentrés sur le paramètre du temps d'ingestion, qui est le plus lourd épingle l'élevage, entre autres, sur sa perte de compétitivité. Les résultats de la recherche sur l'efficacité alimentaire ont montré que la génétique est un levier d'amélioration de l'efficience alimentaire, puisqu'il y a une variabilité individuelle de près de 15% entre les individus qui valorisent le mieux la ration et ceux qui la gaspillent.

Dispositif animal ayant permis d'entrainer les algorithmes - Lycée agricole de Quetigny, Tart-Le-Bas (© programme EPI²)

L'essor des nouvelles technologies, comme l'imagerie, ouvre les perspectives d'un phénotypage 2.0, fiable, précis, moins chronophage et peu coûteux. Développer de nouvelles méthodes d'estimation individuelle du poids vif et de l'ingestion, rapides et automatiques, faciliterait l'étude de l'efficience alimentaire, la mise en place d'une sélection des bovins allaitants sur ce critère, mais également le suivi des trajectoires de croissance ou encore l'adaptation de la conduite alimentaire des animaux en fonction de leur efficacité dans les fermes commerciales. C'est donc tout l'objet du programme EPI², qui vise à **évaluer la capacité des images et vidéos RGB-D à estimer le poids vif et la quantité d'aliment ingérée par des bovins en croissance**.

Un dispositif animal de 36 génisses Charolaises a été mis en place à la ferme expérimentale de Jalogny. Ces génisses ont été réparties dans 4 cases où ont été installés une balance électronique d'enregistrement du poids équipée d'un abreuvoir, mais surtout le dispositif de prise d'image. **Les caméras utilisées sont équipées de senseurs qui permettent, en plus d'extraire les données biométriques des animaux, d'avoir une information sur la profondeur de l'image**. Deux sous-groupes ont ensuite été constitués en fonction du

puisqu'il est basé sur des vidéos et qu'il faut donc apprendre à l'algorithme à reconnaitre ce qu'est en train de faire la génisse. **Nous avons pour l'instant fait l'étape de labelling, ou étiquetage, sur près de 2 000 images,** pour entrainer l'algorithme YOLO à distinguer les activités de l'animal au cornadis, à savoir : ingérer, mastiquer, visiter ». Afin que toutes les modalités de contraste de prise d'image par les caméras puissent être analysées, cette étape se poursuivra jusqu'à octobre/novembre 2023.

Des algorithmes seront développés afin de prédire le poids vif et la note d'état corporelle à partir des images, ainsi que le temps d'ingestion et la quantité d'aliment ingérée à partir des vidéos. Pour cela différents algorithmes de Machine Learning et Deep Learning seront testés, grâce à des approches de validations croisées. Les algorithmes de prédiction développés seront dans un premier temps entraînés manuellement puis automatisés. Si l'acquisition des données sur le dispositif de Jalogny est en cours, des analyses préliminaires lancées sur un autre dispositif Charolais permettent d'ores et déjà de discriminer les différentes activités des animaux, comme la mastication, la visite ou encore l'ingestion. Mohammed Ben Aouda ajoute : « Nous avons pour l'instant une **bonne estimation de l'ingestion grâce à nos algorithmes**. La mastication et la visite sont un peu en deçà, avec parfois quelques effets de confusion entre les deux. Une seconde bande de 54 animaux permettra de continuer d'entrainer les algorithmes et de les valider, et de répéter le processus pour les caractères de poids vif et de note d'état corporelle. Résultats à suivre …

Partenaires du programme : L'INSTITUT agro Dijon · INSTITUT DE L'ÉLEVAGE idele · AGRICULTURES & TERRITOIRES CHAMBRE D'AGRICULTURE SAÔNE-ET-LOIRE · la ferme de Jalogny l'innovation agricole

WELCOW – R&D – 2022/2026
1 149 M€ dont **481 k€ financés par APIS-GENE**

Survie des animaux : et la génétique dans tout ça ?

était focalisé sur la mortalité juvénile.

Photo de Annie Spratt sur Unsplash

En presque 15 ans, la Sélection Génomique a permis de générer un nombre considérable de données. Génotypes de centaines de milliers d'animaux, pedigrees, performances enregistrées pour divers caractères, séquences de génomes complets de plusieurs milliers de taureaux ; tant de données qui constituent une mine d'informations considérable pour le développement d'outils permettant de gérer la dépression de consanguinité. Mais qu'est-ce que la dépression de consanguinité ?
Dans les populations fortement sélectionnées, l'utilisation d'un nombre limité de reproducteurs populaires génération après génération conduit à une réduction de la variabilité génétique, et une augmentation du taux de consanguinité global. L'apparition de caractères récessifs délétères est alors le lot de ces populations fortement sélectionnées, allant de la manifestation d'une anomalie génétique bien caractéristique à une atteinte plus ou moins forte sur les caractères de production, reproduction ou santé. L'impact sur la survie, la fertilité ou la santé des animaux les plus fragiles est appelé dépression de consanguinité.

Si l'Observatoire National des Anomalies Bovines (ONAB), mis en place en 2002, permet, grâce aux remontées de cas d'anomalies rencontrées sur le terrain, d'identifier les mutations responsables et de mettre en place des tests génomiques, ces données ne sont pas suffisantes pour maîtriser l'apparition d'anomalies affectant par exemple la survie. En effet, certaines pathologies induisent une immunodéficience ou des troubles métaboliques dont les symptômes peuvent être confondus avec des maladies d'origine environnementale, et les cas ne sont donc pas remontés à l'ONAB, mettant en lumière les limites des méthodes « classiques » de repérage et d'étude des anomalies génétiques. **Dans le programme EFFITNESS (APIS-GENE ; 2019-2022), l'UMT eBIS a développé une nouvelle approche de détection de ces anomalies et de cartographie du génome.** Les perspectives ouvertes par cette nouvelle méthode sont grandes, et le programme **WELCOW vise à détecter de nouvelles régions récessives du génome, c'est-à-dire qui ne s'expriment que chez les individus homozygotes, augmentant ainsi les risques de mortalité, de développement de pathologies invalidantes et de réforme anticipée à différentes étapes de la vie des vaches**. En élargissant le panel des races et en s'intéressant à la fois aux morts naturelles et aux réformes anticipées, WELCOW va plus loin que le programme EFFITNESS, qui, afin de réaliser la preuve de concept de cette nouvelle méthode de cartographie, Ainsi, **cette méthode de cartographie sera appliquée afin d'identifier les régions du génome responsables de surmortalité ou de réforme anticipée à différents stades de la vie de vaches laitières et allaitantes**. Grâce à l'augmentation des effectifs d'animaux génotypés, il est possible de détecter un nombre toujours plus important d'haplotypes avec déficit en homozygotes, permettant d'avoir des résultats même dans des races laitières régionales ou pour les races allaitantes. Aurélien Capitan (INRAE), coordinateur du programme, précise : « Cette méthode de détection des anomalies par enrichissement ou déficit en homozygotes est très puissante, et permettra d'obtenir des résultats avec des niveaux de précisions corrects pour toutes les races. Sur le début du projet, **nous avons déjà détecté 48 nouveaux haplotypes de mortalité embryonnaire et 33 de mort juvénile dans 11 races** ». La recherche des gènes et des voies métaboliques impliqués permettra ensuite de **comprendre l'impact de ces mutations, à la fois sur une quarantaine de caractères en sélection, mais aussi sur l'espérance de vie et la longévité de carrière des animaux**. Enfin une caractérisation fine des symptômes associés aux mutations candidates pour 6 régions génomiques, réparties entre races laitières et allaitantes, sera également réalisée, en privilégiant les pathologies immunitaires ou celles les plus impactantes pour les filières.

Avec en ligne de mire le développement de méthodes d'agriculture de précision pour la prise en compte des régions du génome influençant la santé et la survie dans les évaluations génomiques, les plans d'accouplement et la sélection, WELCOW ambitionne de doter nos filières bovines d'un nouvel outil de gestion et de maîtrise des anomalies génétiques.

Partenaires du programme : INRAE ELIANCE Des éleveurs. Une ambition. INSTITUT DE L'ÉLEVAGE idele

IA et semence de bélier : quelles molécules pour optimiser les process ?

OUEB^2 – R&D – 2020/2023
245 k€ dont **201 k€ financés par APIS-GENE**

La baisse d'activité en insémination animale (IA) ovine se poursuit, comme le montre le dernier compte-rendu annuel sur l'insémination artificielle ovine d'Idele (Idele). Si le pourcentage d'IA s'élève à 38,2% pour les races de brebis laitières, il est de seulement 3% pour la filière. Pourtant, l'IA est une composante essentielle de l'amélioration génétique, au cœur de l'organisation des schémas de sélection des ruminants. Mais avec des résultats de fertilité associés à de l'IA cervicale en semence congelée de l'ordre de 20% seulement, les éleveurs délaissent cette technique au profit d'IA en semence fraîche ou, dans la majeure partie des cas, de monte naturelle. Par ailleurs, à ces contraintes s'ajoute la nécessaire utilisation d'hormones de synchronisation des chaleurs. Les IA réalisées en semence fraîche impliquent une insémination dans les 6 à 8 heures après collecte de la semence, ce qui engendre la mise en œuvre d'une logistique assez lourde. Allonger le temps d'utilisation de la semence fraîche à 24h et développer des conditions d'utilisation de la semence congelée constituent deux verrous d'amélioration de la diffusion du progrès génétique pour l'ensemble de la filière.

Les scientifiques d'Eliance et d'INRAE ont pris à bras le corps cette problématique et ainsi le programme d'amorçage OUEB (APIS-GENE - 2016/2019) a mis en avant des **pistes moléculaires intéressantes quant à la compréhension des process de préparation de la semence ovine et ses interactions avec le mucus cervical mais également l'impact de la fluidité de ce mucus sur la motilité des spermatozoïdes**. Dans la continuité de ce programme, OUEB^2 propose d'**explorer plus avant ces résultats sur un nombre d'animaux plus important et de faire le lien avec la fertilité**.

Après identification de plusieurs dizaines de molécules innovantes ou issues d'extraits naturels permettant potentiellement d'améliorer la congélation et la conservation de la semence de bélier, plusieurs séries d'expérimentations ont été mises en place pour valider leur intérêt sur un grand nombre de semences. Une première série de tests impliquant 28 molécules permettant potentiellement d'allonger la conservation à 4°C a été réalisée sur des béliers Lacaune à la coopérative OVI-TEST. **Des tests en série réalisés sur 3 semaines ont permis de montrer l'intérêt de trois molécules ou combinaisons de molécules dans le maintien ou l'amélioration des paramètres de motilité et/ou progressivité spermatique après 24h de conservation à 4°C**. Chrystelle Le Danvic (Eliance), coordinatrice du programme, ajoute : « Nous sommes repartis fin juin, afin de confirmer les effets positifs observés pour ces molécules, ainsi que d'en tester deux autres nouvellement intégrées au protocole. En analysant un maximum d'éjaculats, l'objectif était de faire des réplicas techniques et d'augmenter le nombre de passages et d'animaux ». **Les résultats sont très encourageants sur ce volet, laissant entrevoir des possibilités d'assouplir la logistique pour la réalisation d'IA en semence fraîche**. Des essais similaires ont été menés à la coopérative Confédération Roquefort sur 50 individus en race Lacaune, sur un set de 11 molécules plus spécifiques de la congélation. Si la 1ère série a permis d'identifier trois molécules à effets « positifs » sur la congélation, qui se traduisent par exemple par des pertes moindres ou un gain en pourcentage de spermatozoïdes motiles post-décongélation, la 2ème série ne semble pas confirmer ces résultats. Des analyses complémentaires sont en cours. Une fois, les essais de validation de l'activité protectrice des molécules pressenties réalisées, il est prévu un essai terrain pour caractériser leur effet sur la fertilité en élevage. En parallèle, des travaux sont menés à l'UEPAO (INRAE de Nouzilly) pour établir l'impact de la viscosité du mucus cervical sur la motilité des spermatozoïdes et leur capacité à remonter le col de l'utérus. Les résultats obtenus montrent une remontée facilitée des spermatozoïdes dans les mucus les moins visqueux. Des essais sont en cours *in vivo* pour mesurer l'impact sur la fertilité en inséminant en semence congelée des brebis avec un mucus cervical fluidifié. Un essai utilisant de la semence préparée avec la combinaison de molécules la plus efficace dans le maintien de la qualité post-décongélation des spermatozoïdes ovins est également envisagé.
Encore un peu de patience pour avoir les résultats définitifs de ce programme qui s'achèvera fin 2023.

Partenaires du programme : ELIANCE INRAE

La phosphorylation des caséines du lait : pourquoi, comment et quelles pistes de progrès ?

P'LAIT – R&D – 2020/2023
549 k€ dont **196 k€ financés par APIS-GENE**

Du latin *caseus*, qui signifie « fromage », les bien nommées caséines représentent, dans le lait de vache, 80% des protéines totales, et déterminent quasiment à elles seules le rendement fromager du lait. Il existe différents types de caséines : α_{s1}, α_{s2}, β et κ, plus ou moins hydrophobes, c'est-à-dire qu'elles repoussent plus ou moins l'eau. Cela leur

Cebo (INRAE), coordinatrice du programme, explique : « Il s'agit d'un imposant travail. Mais grâce à ces analyses des données de phosphorylation, et après réalisation des analyses statistiques, nous chercherons à caractériser les effets de paramètres comme le stade de lactation ou encore le génotype sur le degré de phosphorylation » en confère une propriété naturelle de s'agréger entre elles, en structures appelées micelles, en séquestrant des petits amas de phosphate de calcium, en quantité très supérieure à leur solubilité, grâce à des interactions avec de courtes séquences de caséine phosphorylées. Il en résulte un biofluide stable. L'étape de modification post-traductionnelle des caséines, appelée phosphorylation, peut donc modifier la structure des micelles de caséines et dès lors affecter à la fois la qualité nutritionnelle des produits laitiers comme la richesse en calcium, mais aussi leurs propriétés technologiques, comme la coagulation par la présure ou encore la cinétique d'affinage des fromages.

Comprendre le phénomène de phosphorylation des caséines du lait est donc un enjeu pour améliorer les produits laitiers de demain. Certains facteurs sont connus pour affecter le degré de phosphorylation des caséines, comme la parité ou le stade de lactation (étude en race Montbéliarde). Par ailleurs, plusieurs régions du génome ont pu être identifiées en race Holstein comme ayant un effet sur le degré de phosphorylation, laissant entrevoir des stratégies de gestion par la génétique. Le programme P'LAIT se place au centre de cette thématique, avec l'ambition d'**améliorer la compréhension des facteurs responsables de la variabilité des phosphorylations des caséines, les mécanismes moléculaires associés à ces variations et leur impact sur les propriétés des laits**.

P'LAIT repose sur une méthode de quantification de la phosphorylation des protéines LC-MS développée à INRAE dans le programme APIS-GENE MassQuantMilk (2013). Elle permet d'atteindre un niveau de précision important, notamment en ce qui concerne la phosphorylation de la caséine α_{s2}, qui, bien qu'elle soit minoritaire, est la plus phosphorylée, et en cela joue certainement un rôle majeur dans la constitution des micelles.

P'LAIT capitalise sur des échantillons obtenus dans le cadre de programmes antérieurs, permettant d'analyser près de 1 000 échantillons et d'identifier les facteurs génétiques ou les pratiques d'élevage affectant la phosphorylation des caséines. Ainsi, les données issues de plus de 550 échantillons de lait issus de PhénoFinLait (APIS-GENE/ANR) ont été analysées et corrigées manuellement. Christelle race Holstein. En parallèle, quelques 400 échantillons issus de LIPOMEC (APIS-GENE/ANR) et du CASDAR BIOMARQ'LAIT permettront d'évaluer l'impact d'une restriction alimentaire sur le degré de phosphorylation des caséines du lait. « Si les données expérimentales de phosphorylation des caséines ont été acquises dans le cadre du programme P'LAIT, il reste un travail considérable à réaliser pour les exploiter. L'effet d'une supplémentation de la ration alimentaire sur la phosphorylation des caséines a également été étudié dans le cadre du dispositif expérimental du projet 3XL, de l'Unité Expérimentale du Pin. Afin de réduire les sources de variabilité individuelle, nous avons, pour P'LAIT, dû restreindre le nombre de vaches prélevées. Il subsiste cependant une grande variabilité dans un petit jeu de données, et donc des difficultés à émettre des conclusions », ajoute Christelle Cebo.

Mais qu'en est-il des relations entre phosphorylation des caséines et propriétés physico-chimiques des micelles ? **La phosphorylation des caséines a une forte influence sur les quantités de calcium et phosphate liés aux micelles de caséine, ce qui pourrait impacter leur structure et leur taille et donc, les propriétés technologiques du lait, en particulier son aptitude à la transformation.**

Les analyses vont se poursuivre pour tenter de comprendre plus en détail l'incidence du degré de phosphorylation des caséines sur la structure et les propriétés des micelles.

Partenaires du programme : INRAE idele INSTITUT DE L'ÉLEVAGE

DU CÔTÉ DES DOCTORANTS

MethaFor, réduire les émissions de méthane : vers une sélection génomique des vaches laitières ?

Les bovins ruminent, c'est un fait, et leur capacité à valoriser la cellulose constitue un grand avantage. Mais en dégradant les composés végétaux consommés par les vaches, les microorganismes du rumen produisent du méthane (CH_4), un gaz à effet de serre hautement contributeur du changement climatique avec son pouvoir de réchauffement molécule à molécule 80 fois supérieur à celui du CO_2. Diminuer les émissions de méthane aura un effet immédiat, puisque le fait d'avoir des émissions nettes faibles ou nulles pourrait réduire de 0,3°C l'augmentation

mais qui a le désavantage d'être influencée par la production ou le format de la vache ; en g/kg de matière sèche ingérée, qui est une unité intéressante puisqu'elle s'affranchit de la corrélation forte entre production de méthane et quantité d'aliment ingéré et reflète l'efficience digestive et le rendement méthane individuels ; et enfin la production de méthane en g/kg de lait (corrigé pour les taux), qui reflète l'efficience méthane du processus de production laitière ». L'ensemble des analyses menées par la doctorante sera réalisé sur ces 3 unités, de

Solène Fresco

S. Fritz (Eliance),
D. Boichard (INRAE) et
P. Martin (INRAE)

prévue de la température moyenne de la planète d'ici à 2050 (Nations Unies).

L'agriculture, et en particulier l'élevage bovin, est souvent pointée du doigt concernant les émissions de méthane d'origine digestive, ou entérique, de nos ruminants. La production de méthane dépend en première approche de la quantité de fourrages ingérée, donc de la production et du format de l'animal. Cependant, **il a été montré qu'à consommation et production égales, certaines vaches produisent moins de méthane que d'autres, révélant un potentiel pour la sélection des animaux les moins émetteurs**. La sélection génétique et génomique de vaches faiblement émettrices constitue donc une stratégie d'atténuation contre le changement climatique. Intégrée dans le programme APIS-GENE MethaBreed, **la thèse MethaFor, menée par Solène Fresco (Eliance) et réalisée à INRAE (UMT eBis), propose une analyse génétique des rejets de méthane entérique chez la vache laitière, au travers du développement et de la validation d'équations obtenues à partir des spectres Moyen Infra Rouge (MIR) du lait, collectés en routine, comme prédicteur des émissions de méthane**. Ces équations permettront la mise en place d'un prototype d'évaluation génomique en vue de réaliser des propositions pratiques pour la sélection.

Diminuer les émissions de méthane nécessite une bonne connaissance du déterminisme génétique de la production de ce gaz à effet de serre. La première étape a consisté à déterminer l'unité la plus propice à la mise en place d'une sélection génétique. Solène Fresco explique : « Nous avons retenu trois unités relatives aux émissions de méthane par animal : la production de méthane en g/j, prédite directement par le GreenFeed, manière à **trouver le meilleur compromis possible entre recommandations des scientifiques et attentes des professionnels**.

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

Les données collectées à l'unité expérimentale INRAE du Pin-au-Haras à l'aide de dispositifs GreenFeed ont montré qu'il existe une variabilité individuelle et qu'il est donc possible de sélectionner contre les émissions de méthane. Cependant la mise en place d'une telle sélection nécessite des mesures assez précises et en grand nombre, ce qui est complexe pour un caractère comme les émissions de CH_4. Il apparaît donc indispensable de développer des outils de mesure indirecte. Ainsi, l'un des premiers objectifs de la thèse est de confirmer l'intérêt de prédire les émissions de CH_4 à partir des spectres MIR du lait collectés en routine. La logique de la prédiction MIR est que les fermentations ruminales influencent à la fois la production de méthane et la composition du lait et donc que le spectre MIR contient une certaine information sur le méthane. Pour cela des mesures directes de CH_4 obtenues à partir de Greenfeed dans 7 fermes différentes sont utilisées pour construire des équations de prédiction à partir des spectres MIR. Cette phase exploratoire prometteuse a révélé qu'un nombre plus important de données serait nécessaire pour consolider les équations et pour développer des équations spécifiques aux races et aux systèmes de production. Cependant, Solène Fresco ajoute : « Les équations actuelles ont une précision modérée, mais elles sont suffisantes pour une première étude génétique. Elles gagneront à être confortées à l'avenir ».

Les équations développées dans MethaFor, mais également les équations développées dans le cadre du consortium OptiMir, ont ensuite été appliquées à **plus de 28 millions de spectres MIR de vaches laitières**, de race Holstein et Montbéliarde (qui font l'objet de travaux spécifiques de la thèse), mais aussi de races Normande, Brune, Vosgienne, Tarentaise, Abondance et Simmental dans le cadre du programme MethaBreed (conduit en parallèle dans l'UMT eBis). Ces prédictions sont actuellement utilisées pour l'analyse génétique des émissions de méthane.

Les deux années de thèse restantes seront mises à profit pour déterminer l'héritabilité du caractère, estimer les corrélations entre ce caractère et les autres caractères en sélection, initier la détection de gènes d'intérêt, développer l'évaluation génomique et réfléchir à l'intégration du caractère dans les objectifs de sélection.

Article scientifique :
Fresco *et al., J. Dairy Sci* (2023)

Tant vaut la préparation, vaut l'action !

APIS-GENE finance des programmes de R&D avec comme objectif le transfert des résultats au terrain dans le but d'améliorer l'efficacité globale de l'élevage des ruminants. Avec la **montée en expertise des équipes de chercheurs de notre écosystème et la montée en maturité des domaines et technologies associés, les résultats valorisables sont de plus en plus fréquents**, à commencer par un étoffement des caractères disponibles en sélection génomique. Ces nouveaux index sont souvent produits et valorisables dans une race et un de nos objectifs est d'améliorer leur transférabilité au plus grand nombre de races présentes en France.

Nous sommes également à une période charnière vers l'ouverture du portefeuille de valorisation. Ainsi, un certain nombre de programmes en cours devraient permettre d'élargir les valorisations gérées par APIS-GENE à d'autres technologies que la Sélection Génomique, comme l'épigénétique, les technologies recourant à de l'IA ou encore les dosages dynamiques en santé, reproduction et performances.

Compte tenu de ces éléments d'augmentation et de diversification, **le Comité Stratégique d'APIS-GENE a décidé d'étendre les financements des programmes de finalisation en y intégrant des dépenses éligibles sur des volets permettant de préparer le déploiement terrain**. Seront donc éligibles des volets organisation de Comités de concertation, mise en place du cadre de valorisation, communication, mise en place opérationnelle pour une activité à hauteur de 15% du montant total demandé à APIS-GENE pour un projet de finalisation. Ces éléments seront inclus dans le règlement financier APIS-GENE pour être mis en œuvre dès le prochain Appel A Projets.

CALENDRIERS

Réunions à venir

Comités Stratégiques

- **21 Septembre 2023**
- **30 Novembre 2023**

Congrès scientifiques et salons

Meeting annuel de l'EAAP - 74ème édition du Meeting annuel de la Fédération européenne des sciences animales
26 août au 1er sept. 2023 *(Lyon)*

SPACE - Le Salon International des Productions Animales
12 au 14 sept. 2023 *(Rennes)*

Sommet de l'Elevage - Le Salon Européen des professionnels de l'élevage
3 au 6 oct. 2023 *(Clermont-Ferrand)*

LE BON COIN DES ACTIONNAIRES

- **Tech'Ovin**
  6 et 7 sept. 2023 *(Bellac)*
- **Capr'Innov**
  22 et 23 nov. *(Niort)*

- **eBIS Actu - webinaire de l'**
  16 nov. 2023

01 81 72 16 75
administration@apisgene.fr

Maison Nationale des éleveurs
149 rue de Bercy - 75 595 PARIS cedex 12

avec les soutiens financiers de :

This cover has been designed using resources from Flaticon.com

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.