



**INRAE**



## Résumés proposés aux JAS 2024

Département physiologie animale et systèmes d'élevage



## Table des matières

Rôle de l'hormone thyroïdienne dans les neurones à parvalbumine du cortex chez la souris .....	5
Evaluation intégrée du bien-être positif chez les chèvres laitières : une première étude expérimentale combinant approches éthologiques et numériques .....	6
Animaux et humains en élevage, mieux se comprendre pour un bien-être mutuel : une thématique de recherche transversale du département Phase .....	7
Enrichir l'environnement des agneaux permet de les rendre moins sensibles à la frustration .....	9
Bien-être animal : un concept évolutif.....	10
Bien-être des porcs et des volailles en élevages biologiques et de plein air : apports du projet européen PPILOW .....	11
Elevage de porcs mâles non castrés en agriculture biologique : zootechnie et comportement. Le poivre des moines, une aide ? .....	13
Offrir chaque jour deux fourrages de façon asynchrone : une incroyable faculté d'adaptation des chèvres pour exprimer leurs préférences alimentaires .....	15
Les conditions précoces d'élevage artificiel des agnelles ont-elles un impact sur leurs capacités maternelles ultérieures au pâturage ? .....	16
Organoïdes endométriaux comme modèle d'étude <i>in vitro</i> de l'endométrite chez la jument.....	17
La méthode Trust technique® peut-elle améliorer le bien-être animal ? Preuve de concept sur le stress et l'agressivité des rongeurs. ....	19
Validation du prélèvement de jus de rumen par intubation œsophagienne pour inoculer des mini fermenteurs continus ..	20
Quels dispositifs alternatifs aux canules permanentes pour établir des recommandations en vitamines, minéraux et acides aminés des ruminants ? .....	22
Identification de facteurs clés pour l'amélioration de la pluripotence et la génération de chimères chez le Lapin .....	23
De nouvelles lignées de cellules souches pluripotentes de Canard peuvent répliquer efficacement des virusInfluenza aviaires. ....	24
Comment et pourquoi collaborer avec les SHS dans les projets en physiologie animale ? Retour sur expérience du projet AlterFi .....	25
Recherches d'alternatives à l'utilisation des ruminants fistulés (Alterfi) .....	27
Méthodes <i>in vitro</i> pour estimer la dégradation ruminale des protéines et de l'amidon des aliments des ruminants.....	29
Quelles conséquences d'un enrichissement de l'environnement néonatal des poussins sur les performances, le microbiote intestinal et la santé des poulets ?.....	30
Rôle du facteur de transcription pionnier DUXC lors du développement embryonnaire précoce chez le bovin.....	32
Recherche de biomarqueurs prédictifs de la réussite du transfert d'embryon chez la génisse (PRATEG).....	33
Utilisation des outils de modification du génome pour décrypter la génétique de la signalisation thyroïdienne <i>in vivo</i> .....	34
Optimisation du prime editing pour induire des modifications génétiques ciblées et prédéfinies <i>in ovo</i> chez la souris .....	35
Héritage paternel : impacts du stress des mâles sur la descendance chez les oiseaux.....	37
Quel lien entre réserves énergétiques musculaires et développement embryonnaire précoce ?.....	38
La transcriptomique en cellule unique révèle les processus de maturation induits dans chaque type cellulaire de l'épithélium intestinal lors de la transition alimentaire du sevrage chez le lapin .....	40
Diversité de la composition en oligosaccharides du lait de lapine et associations avec la mise en place du microbiote caecal et la survie des lapereaux.....	42

Effets d'un stress thermique aigu ou sous forme d'une vague de chaleur sur l'intégrité de la barrière intestinale chez le porc .....	43
Utiliser la bio-réactivité des plantes tropicales pour perturber les nématodes gastro-intestinaux des petits ruminants.....	45
Favoriser l'usage des plantes en élevage .....	46
Phénotypage de la résilience des ruminants dans un contexte de transition agroécologique et de changement climatique.	47
Planifier la biodiversité dans les systèmes aquacoles : un flux opérationnel pour concevoir de nouvelles polycultures de poissons.....	49
Les systèmes d'élevage agropastoraux (Méditerranéens) comme 'modèles' agroécologiques pour s'adapter au changement climatique ? .....	50
Produire du lait en minimisant l'excrétion d'azote des vaches laitières avec des régimes associant herbe verte et ensilage de maïs : un compromis à trouver .....	52
Réduction de la teneur en protéines et du bilan électrolytique dans les aliments chez le poulet de chair : Conséquences sur les flux d'azote et les émissions gazeuses au bâtiment .....	53
Patuchev : performances techniques et environnementales de trois conduites maximisant l'utilisation de l'herbe en élevage caprin.....	55
Les porcs les plus performants n'ont pas toujours la plus faible empreinte environnementale .....	56
Le transfert extracellulaire d'électrons est-il un acteur ignoré de la production de méthane dans l'écosystème du rumen ?	57
Investigation multi-omique pour déchiffrer les relations hôte-microbiote chez les bovins laitiers dans le contexte de l'atténuation du méthane .....	58
Compromis environnementaux de la diminution de la fraction de protéines animales dans l'alimentation de la population française .....	59
Flux de biomasse, azote et énergie de systèmes agri-alimentaires : le cas de l'Oust à Brocéliande communauté.....	60
Modélisation des interactions au sein des élevages bovins laitiers par une méthode statistique basée sur les copules .....	62
INRAE-EVs Network : les vésicules extracellulaires... ? Ça bouge à INRAE !.....	63
Mécanismes de prise de masse musculaire chez la truite : couplage entre métabolisme mitochondrial et synthèse protéique .....	64
ESTHER, la base de données et le serveur dédiés à l'analyse des séquences de protéines au sein de la superfamille des cholinestérases apparentées .....	65
Signature de la lipolyse spontanée dans le lait de ruminants.....	66
Combiner analyses statistiques intégratives et prédiction bioinformatique du secrétome et du surfacéome pour comprendre le dialogue inter-organes .....	68
Produire de la viande biologique qui valorise les territoires avec le troupeau allaitant .....	70
Sécuriser les systèmes d'élevage en zone contaminée – Cas de la crise Chlordécone aux Antilles : de la modélisation des processus de transfert de la chlordécone à l'application sur le terrain d'un outil d'aide à la décision .....	71
Peut-on moduler les teneurs en vitamines B des produits laitiers chez les Ruminants ? .....	73
Recherche internationale collaborative sur le classement de la viande bovine en fonction de sa qualité en bouche selon les normes de la Commission économique pour l'Europe des Nations Unies afin de mieux répondre aux attentes des consommateurs .....	75
Comment la diversification des modes d'élevage en Europe influence-t-elle les principaux indicateurs de la qualité de la viande de poulet ?.....	77
Vers l'évaluation conjointe de la qualité intrinsèque et des impacts environnementaux de la viande porcine : Cas d'étude expérimental combinant type génétique et alimentation des animaux .....	78

FROGS, 10 ans de développement logiciel dédié à la description des microbiotes .....	79
Identification de biomarqueurs non invasifs du stade du cycle de reproduction dans le métabolome et le stéroïdome de la salive de jument. ....	81
Construction et validation d'un modèle de prédiction précoce de l'efficacité alimentaire en utilisant des biomarqueurs plasmatiques chez le bovin .....	82
Phénotypage des ruminants d'élevage : vers des outils peu invasifs alliant la découverte de biomarqueurs avec de nouvelles méthodes d'accès aux fluides et d'analyses intégratives .....	84
L'UE Herbipôle innove pour le phénotypage haut débit au service de la transition agroécologique .....	86
Vers une prédiction automatique des besoins nutritionnels et du bien-être de chaque truie gestante .....	87
L'imagerie : des mesures de morphologies aux estimations de la composition corporelle des ruminants .....	88
Le WoW : une plateforme intégrée, un algorithme ( <i>Kfino</i> ) et une <i>web app</i> (ORIOLE) pour l'autopesée des ovins dans un éventail de systèmes .....	90
Comprendre les impacts des changements d'échelle sur les gains d'efficacité des systèmes bovins allaitants dans les pâturages dans le Massif Central : une approche de modélisation.....	92
Peer Community In Animal Science: un modèle de publication libre pour une science transparente et ouverte .....	94

# Rôle de l'hormone thyroïdienne dans les neurones à parvalbumine du cortex chez la souris

**Auteur – Orateur :** Sabine RICHARD

**Unité :** USC1370 IGFL

## Liste complète des auteurs :

Juan REN, IGFL, Suzy MARKOSSIAN, IGFL, Romain GUYOT, IGFL, Denise Aubert, IGFL, Dongdong LI, NPS-IBPS, Paris Bruno Cauli, NPS-IBPS, Paris, Fabrice Riet, PHENOMIN-ICS, Strasbourg, Jiemin WONG, ECNU, Chine, Frédéric FLAMANT, IGFL, Sabine RICHARD, IGFL

## Grand Objectif scientifique :

GOS 1 – Priorité 1

## Résumé :

L'hormone thyroïdienne joue un rôle majeur dans le développement du cerveau chez les mammifères, notamment dans les principaux neurones inhibiteurs, les neurones GABAergiques. Il est connu que l'hormone thyroïdienne agit via des récepteurs nucléaires, qui agissent comme des facteurs de transcription, mais la fonction précise de l'hormone thyroïdienne dans les neurones GABAergiques n'est pas encore élucidée.

Nous nous sommes focalisés sur des interneurons GABAergiques du cortex qui expriment la parvalbumine (neurones PV+). L'activité de ces neurones est déterminante pour le développement du cortex et pour l'équilibre entre excitation et inhibition tout au long de la vie. Pour étudier le rôle de l'hormone thyroïdienne dans les neurones PV+, nous avons utilisé une lignée de souris génétiquement modifiée chez laquelle la signalisation thyroïdienne est bloquée spécifiquement dans ces neurones après la naissance (lignée *Thra<sup>AMi</sup>/pv*). Nous avons analysé le phénotype de ces souris en combinant des approches génomiques, histologiques, électrophysiologiques et comportementales.

Des analyses d'expression de gènes réalisées sur le cortex à l'âge adulte ont révélé que le blocage de la signalisation thyroïdienne dans les neurones PV+ induisait dans ces neurones des différences significatives par rapport à des souris témoins, notamment pour des gènes impliqués dans la composition de la matrice extracellulaire et dans le fonctionnement de canaux ioniques. De plus, par rapport aux souris témoins, les souris *Thra<sup>AMi</sup>/pv* présentaient une proportion réduite de neurones PV+ entourés d'un réseau périneuronal, une matrice extracellulaire spécialisée jouant un rôle de premier ordre dans le contrôle de la plasticité cérébrale. Les souris *Thra<sup>AMi</sup>/pv* se distinguaient également par une excitabilité réduite des neurones PV+ du cortex, une hyperactivité comportementale et une plus grande susceptibilité aux crises d'épilepsie.

Les résultats obtenus suggèrent que l'hormone thyroïdienne joue un rôle direct dans les neurones PV+, non seulement au cours du développement, mais également pour le maintien de leur fonction inhibitrice à l'âge adulte. Elucider les mécanismes d'action de l'hormone thyroïdienne dans le cerveau, en particulier dans les neurones PV+, contribue à une meilleure compréhension de l'étiologie de différentes maladies neurodéveloppementales, telles que l'épilepsie ou les troubles du spectre autistique, ainsi que de pathologies pouvant survenir à l'âge adulte, telles que l'anxiété ou la dépression.

## Références bibliographiques :

Ren J., Markossian S., Guyot R., Aubert D., Li D., Cauli B., Riet F., Wong J., Flamant F., Richard S. Thyroid hormones maintain parvalbumin neuron functions in mouse neocortex. Soumis pour publication le 28/06/2024.

**Mots-clés :** Cerveau, Développement, Récepteurs nucléaires, Neurones GABAergiques, Epilepsie, Hyperactivité, Matrice extracellulaire, Réseau périneuronal.



# Evaluation intégrée du bien-être positif chez les chèvres laitières : une première étude expérimentale combinant approches éthologiques et numériques

**Auteur – Orateur :** Masoomah Taghipoor

**Unité :** UMR 791 MoSAR

## Liste complète des auteurs :

Mathilde Valençon<sup>1</sup>, Chloé Deneuville<sup>1</sup>, Pauline Gauthier<sup>1</sup>, Alexandra Eymard<sup>1</sup>, Sarah Mauny<sup>1</sup>, Mathieu Bonneau<sup>2</sup>, Christine Duvaux-Ponter<sup>1</sup>, Masoomah Taghipoor<sup>1</sup>

<sup>1</sup> UMR 791 MoSAR

<sup>2</sup> UR0143 ASSET

## Grand Objectif scientifique :

GOS 1 – Priorité 1

## Résumé :

Dans un contexte de transition agroécologique où les animaux d'élevage sont de plus en plus exposés à des aléas environnementaux, les outils numériques offrent des perspectives prometteuses pour le suivi et la garantie d'un bien-être animal optimal, tant au niveau individuel que collectif. Cependant, l'approche intégrée combinant éthologie et sciences numériques reste à développer et valider pour une évaluation fiable du bien-être. Dans le cadre du projet WAIT4 (PEPR Agroécologie et Numérique), nous avons conduit une étude expérimentale visant à fournir une preuve de concept du couplage d'outils éthologiques (observations, tests) et numériques (IA, capteurs) pour caractériser les comportements associés à un état de bien-être positif chez la chèvre laitière, suite à l'enrichissement du milieu de vie (IE MoSAR, Grignon). Ainsi, nous avons suivi deux groupes de 14 chèvres Alpines adultes en lactation élevées sur paille (*standard*) pendant 10 semaines. Après trois semaines en conditions *standard* (*pré-traitement*), l'un des deux lots a bénéficié d'un programme d'enrichissements physiques combinant objets de confort (e.g. brosses), d'exploration (e.g. objets suspendus) et structures surélevées (e.g. plateforme) durant le reste de l'étude (période de *traitement*). Les animaux équipés d'accéléromètres ont été filmés en continu. L'utilisation du pipeline *ACT4Behav* permet de déduire dynamiquement des activités comportementales (e.g. alimentation, postures) à partir de données accélérométriques (Mauny *et al.* 2024, *in prep*). L'outil de *tracking* et analyse vidéo que nous adaptons actuellement pourrait permettre quant à lui de relever des indicateurs de l'évolution des réseaux sociaux, ainsi que de l'intérêt des animaux pour les enrichissements (e.g. temps passé en contact avec les objets). En parallèle, des observations comportementales (30h/chèvre/période) combinant *scan sampling*, relevés en continu des interactions sociales, puis analyses des réseaux sociaux ont été effectuées. Enfin, une série de tests comportementaux évaluant réactivité émotionnelle, flexibilité cognitive et sociabilité a été menée à la fin de l'étude. Les premières analyses montrent un impact positif du programme d'enrichissement. Les chèvres du groupe *enrichi* consacrent plus de temps à l'exploration et expriment davantage d'interactions sociales affiliatives (*i.e.* positives) que les chèvres du groupe *standard* lors de la troisième semaine d'enrichissement, alors qu'aucune différence initiale n'avait été observée. De plus, les tests comportementaux suggèrent une moindre réactivité à la nouveauté chez les chèvres *enrichies*. Ainsi, observations et tests nous permettent de mettre en évidence des effets comportementaux fins, comme sur l'expression sociale. Ces résultats seront complétés par nos approches numériques afin d'extraire la dynamique comportementale des animaux, y compris au niveau collectif, par un suivi automatisé.

## Références bibliographiques :

Mauny S, Kwon J, Friggens NC, Duvaux-Ponter C, Taghipoor M. *in prep. Dairy goat behaviour classification from accelerometer data using a Machine Learning pipeline with extensive pre-processing and feature creation options.*

**Mots-clés :** Bien-être animal, outils numériques, intelligence artificielle, éthologie, analyses vidéo, automatisation, cognition, comportement social

## Animaux et humains en élevage, mieux se comprendre pour un bien-être mutuel : une thématique de recherche transversale du département Phase

**Auteur – Orateur :** Céline Tallet

**Unité :** UMR 1348 PEGASE

**Liste complète des auteurs :**

Léa Lansade UMR PRC, Xavier Boivin UMRH

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 1 – Priorité 1

**Résumé :**

Les animaux d'élevage évoluent dans un environnement modulé par les humains, et dans lequel ces derniers ont une place très importante (1). Les relations qui se créent entre animaux et humains déterminent l'adaptation des animaux aux systèmes d'élevage et en corolaire leur état de bien-être. De nombreux travaux en éthologie à Phase s'attachent à étudier ces relations avec des approches et modèles complémentaires, et en lien avec d'autres disciplines. Nous allons illustrer cela par quelques exemples marquants de nos travaux.

Un de nos axes de recherche permet de mieux comprendre les capacités sociocognitives des animaux d'élevage à l'égard de l'humain, en décryptant notamment leur sensibilité aux émotions humaines. Une série de travaux a par exemple montré à quel point ils sont sensibles à l'intonation de nos voix. Les cochons sont sensibles à la prosodie vocale (2), les poules distinguent les voix familières des inconnues (3), tandis que les chevaux vont jusqu'à montrer des réponses physiologiques spécifiques en fonction de l'émotion perçue puisque leur rythme cardiaque ralentit face à une voix triste et s'accélère avec une voix en colère, suggérant des mécanismes de contagion émotionnelle (4). Ce processus, observé avec la voix, s'étend dans cette espèce à l'odorat et la vue (5). Ces connaissances ouvrent la voie à des recommandations pour assurer une meilleure communication entre les humains et les animaux.

Un autre axe de nos travaux porte sur la construction de la relation, notamment au travers des interactions tactiles, visuelles, olfactives et auditives. Par exemple, chez les porcs (6, 7) et chez les moutons (8), les interactions tactiles vont apaiser les animaux, entraînant un comportement plus calme en présence d'une personne familière qui a prodigué des contacts, et leurs vocalisations sont moins nombreuses et plus courtes (9, 7). Chez les porcs, les interactions auditives vont accélérer la création de cette relation (10). La perception de l'humain va se transmettre entre animaux. Notamment, la personnalité de la mère va influencer la perception de l'humain par les petits, ainsi que leurs capacités d'apprentissage (11).

Au travers des connaissances acquises au cours de ces travaux, le concept de relation humain-animal prend tout son sens, déterminant les attentes de chaque acteur de la relation par rapport à l'autre, l'issue des futures interactions et leurs conséquences sur le bien-être animal, la santé, et la production. Une telle conception des relations humains-animaux peut déboucher sur la mise en place de pratiques relationnelles intégrées aux pratiques d'élevage. En ergonomie de l'activité, l'écart entre les attentes et la réalité conditionne la santé et le bien-être du travailleur, et il peut en être de même pour l'animal (12). Nos recherches participent donc à construire les bases d'un « One Welfare », un bien-être interdépendant entre celui de l'humain et celui de l'animal. Elles sont aujourd'hui largement reconnues dans le monde.

**Références bibliographiques :**

1. Grandgeorge, M, Boivin, X. 2019. Les Relations humain-animal : éthologie animale et humaine. Darmaillacq, AS, Lévy, F (eds). *Ethologie animale : une approche biologique du comportement* (2<sup>ème</sup> édition), De Boeck, pp 241-262.
2. Bensoussan S., Tigeot R., Lemasson A., Meunier-Salaün M.-C., Tallet C., 2019. Domestic piglets (*Sus scrofa domestica*) are attentive to human voice and able to discriminate some prosodic features. *Applied Animal Behaviour Science*, 210, 38-45, <https://dx.doi.org/10.1016/j.applanim.2018.10.009>.
3. Ferreira, V.H.B., Seressia, J., Lansade, L., Mème, N., Bernard, J., Pinard-van der Laan, M.-H., Calenge, F., Lecoeur, A., Calandreau, L. & Dutour, M. 2024 Discrimination of familiar and unfamiliar human voices is independent of prolonged human-animal interaction in domestic chicks. *Applied Animal Behaviour Science*. 270, 106138. <https://doi.org/10.1016/j.applanim.2023.106138>.

4. Jardat, P., Liehrmann, O., Reigner, F., Parias, C., Calandreau, L. & Lansade, L. 2023a Horses discriminate between human facial and vocal expressions of sadness and joy. *Animal Cognition*, 26, 1733-1742. doi:10.1007/s10071-023-01817-7.
5. Jardat, P., Destrez, A., Damon, F., Menard--Peroy, Z., Parias, C., Barrière, P., Keller, M., Calandreau, L. & Lansade, L. 2023b Horses discriminate human body odors between fear and joy contexts in a habituation-discrimination protocol. *Scientific Reports*, 13, 3285. doi:10.1038/s41598-023-30119-8.
6. Tallet, C., Sy, K., Prunier, A., Nowak, R., Boissy, A., Boivin, X. (2014). Behavioural and physiological reactions of piglets to gentle tactile interactions vary according to their previous experience with humans. *Livestock Science*, 167, 331-341.
7. Villain, A., Guérin, C., Tallet, C. The use of pigs vocalisation structure to assess the quality of human-pig relationship. *Peer Community in Animal Science*, 2023, 3, pp.e36. <https://doi.org/10.24072/pci.animsci.100190>.
8. Tallet C., Veissier I., Boivin X. (2005). Human contact and feeding as rewards for the lamb's affinity to their stockperson. *Applied Animal Behaviour Science*, 94, 59-73, <https://hal.inrae.fr/hal-02677461>.
9. Villain A., Hazard A., Danglot M., Guérin C., Boissy A., Tallet C. (2020). Piglets vocally express the anticipation of pseudo-social contexts in their grunts. *Scientific Reports*, 10 (1), 18496, <https://dx.doi.org/10.1038/s41598-020-75378-x>
10. Bensoussan S., Tigeot R., Meunier-Salaün M.-C., Tallet C. (2020). Broadcasting human voice to piglets (*Sus Scrofa domestica*) modifies their behavioural reaction to human presence in the home pen and in arena tests. *Applied Animal Behaviour Science*, 225, <https://dx.doi.org/10.1016/j.applanim.2020.104965>
11. Lanthony, M., Briard, E., Špinká, M., & Tallet, C. (2023). Weaned piglet's reactivity to humans, tonic immobility and behaviour in a spatial maze test is affected by gestating sows' relationship to humans and positive handling at weaning. *Applied Animal Behaviour Science*, 268, 106080.1.
12. Beaujouan, J., Cromer, D., & Boivin, X. (2021). From human–animal relation practice research to the development of the livestock farmer's activity: an ergonomics–applied ethology interaction. *Animal*, 15(12), 100395.

**Mots-clés :** One Welfare, cognition, émotions



## Enrichir l'environnement des agneaux permet de les rendre moins sensibles à la frustration

**Auteur – Orateur :** Nadège Aigueperse (Herbivores)

**Unité :** UMR1213 Herbivores

**Liste complète des auteurs :**

Nadège Aigueperse (Herbivores), Jasmine Muszik (McGill University, Canada) & Raphaëlle Botreau (Herbivores)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 1 – Priorité 1

**Résumé limité à 3000 caractères espaces compris :**

L'amélioration du bien-être des ovins représente un objectif pour la recherche agronomique actuelle. Un moyen de l'atteindre est d'enrichir le milieu d'élevage des jeunes. En effet, les expériences précoces ont un impact sur le développement ultérieur des animaux, durant lesquelles ils développent leur capacité à s'adapter à différentes situations positives et négatives. Plusieurs catégories d'enrichissement existent (physique, nutritionnel, social, occupationnel et sensoriel) qui, combinées, pourraient influencer différents aspects de ce développement comportemental, notamment leur flexibilité et leur gestion de la frustration. 28 agneaux maternés ont été élevés de l'âge de 2 à 16 semaines avec (E, N=14) ou sans (T, N=14) enrichissement multimodal (plateforme, mobile à préhension, brosses, odeurs...) dans un parc à agneaux en accès libre, adjacent à leur parc de vie. En fin d'engraissement, à 17 semaines d'âge, ils ont été testés individuellement dans un labyrinthe se terminant par 2 couloirs en Y. Ils ont d'abord été entraînés à prendre un couloir pour obtenir une récompense alimentaire et sortir (phase d'entraînement de 6 essais). Puis, au cours de 2 essais, ce couloir a été bloqué en son milieu par une porte et l'animal avait 3 min pour récupérer sa récompense, désormais dans le second couloir : phase d'inversion. Enfin durant 4 essais, l'animal était laissé 3 min dans l'ensemble du dispositif avec les deux couloirs ouverts mais où la récompense avait été retirée : phase de frustration. Le nombre d'individus atteignant le bout de chaque couloir ouvert, la durée pour arriver au bout de chaque couloir ouvert (= durée de détour) et les comportements (exploration, déplacement...) compilés dans deux index issus des deux premiers axes d'une ACP ont été analysés via des modèles mixtes. Les 2 lots n'ont pas montré de différence d'apprentissage ou de comportement durant la phase d'entraînement. En revanche pour la phase d'inversion, si le nombre d'individus et la durée de détour n'ont pas été différents entre les 2 lots, les agneaux enrichis ont été plus explorateurs avant de faire le détour que les témoins qui étaient plus mobiles. Enfin durant la phase de frustration, les agneaux enrichis ont été moins persévérants et ont commencé à arrêter d'aller au bout des couloirs plus rapidement que les agneaux témoins. De plus, ils sont restés plus calmes lors du dernier essai que lors des deux premiers ( $P < 0.05$ ) ce qui n'a pas été le cas des agneaux témoins qui sont restés plus agités et ont exprimé plus de frustration. L'enrichissement multimodal des agneaux dès le plus jeune âge a permis à ces derniers de trouver la solution à un problème tout aussi efficacement mais de manière plus détendue et d'exprimer moins de frustration en l'absence de récompense. Cette modalité d'enrichissement pourrait donc permettre d'accroître la robustesse comportementale des agneaux lors d'événements perturbant leurs habitudes.

**Mots-clés :** flexibilité comportementale, état mental, cognition, exploration, enrichissement du milieu

## Bien-être animal : un concept évolutif

**Auteur – Orateur :** VEISSIER I.

**Unité :** UMR 1213, UMRH

**Liste complète des auteurs :** I. Veissier, Boissy A., Botreau R., Lardy R., Terlouw C., UMRH

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 1 – Priorité 1

### Résumé :

Les premiers travaux sur le bien-être des animaux d'élevage ont démarré à INRAE à la fin des années 80, la protection des animaux de ferme étant placée à l'agenda des politiques européennes. Les travaux ciblaient notamment des conditions d'élevage extrêmes, comme l'élevage des veaux en cases individuelles. Les travaux consistaient à déterminer les besoins de base physiologiques et comportementaux des animaux et à adapter leurs conditions de vie pour les satisfaire (taille des parcs, alimentation...). A cette époque, plusieurs chercheurs signalaient que le bien-être des animaux concerne tout d'abord l'expérience subjective (Dantzer and Mormède, 1983; Duncan, 1996). Il n'existait cependant pas de travaux démontrant formellement les capacités des animaux de ferme à ressentir des émotions et pendant des années, la notion d'expérience subjective n'était pas intégrée dans le concept du bien-être animal. Il y avait une incohérence, car les questions d'éthique liées au bien-être animal trouvent leur fondement justement dans l'existence d'émotions animales. Il devenait urgent de faire évoluer le concept du bien-être animal au-delà de leurs capacités d'adaptation. A partir des années 2000, l'utilisation de nouveaux paradigmes (en partie en lien avec la psychologie humaine) a permis d'explorer formellement les capacités des animaux à avoir des expériences émotionnelles (Paul et al., 2005; Boissy et al., 2007). D'autres travaux ont montré que les mammifères sont équipés des structures neuroanatomiques liées à l'expérience émotionnelle (Damasio, 1998; LeDoux, 2003). Aujourd'hui, l'évaluation que fait l'animal de la situation et l'expérience subjective qui l'accompagne ont une place centrale dans la définition du bien-être animal (Anses, 2024). Des réflexions récentes suggèrent que le bien-être animal est une notion plus complexe encore. Suffit-il que les animaux n'aient pas d'émotions négatives et aient accès à des émotions positives ? Il est probable que les animaux aient plusieurs émotions en même temps, qui se conjuguent et donnent lieu à un état subjectif complexe (Kremer et al., 2020). Il est également probable que les animaux aient d'autres besoins en lien avec leur bien-être : celui de jouer, d'explorer (Veissier et al., accepted), de comprendre leur environnement (Sueur 2023), et de l'influencer selon leur volonté (agentivité ; Krause, 2013; Spinka, 2019). Ainsi, de nouveau, nous devons formuler de nouveaux concepts et imaginer de nouveaux paradigmes, permettant de concevoir des tests pour étudier et comprendre la complexité de l'expérience subjective et du bien-être des animaux. L'implication des chercheurs dans des instances nationales (Anses, CNR BEA) et internationales (EURCAW, EFSA) est essentielle pour que les dispositions réglementaires et les recommandations pratiques évoluent en parallèle de ces évolutions conceptuelles.

### Références bibliographiques :

- Boissy, A., Arnould, C., Chaillou, E., Désiré, L., Duvaux-Ponter, C., Greiveldinger, L., Leterrier, C., Richard, S., Roussel, S., Saint-Dizier, H., Meunier-Salaün, M.C., Valance, D., Veissier, I., 2007. Emotions and cognition: a new approach to animal welfare. *Animal Welfare* 16, 37-43.
- Damasio, A.R., 1998. Emotion in the perspective of an integrated nervous system. *Brain Research Reviews* 26, 83-86.
- Dantzer, R., Mormède, P., 1983. Stress in farm animals: a need for reevaluation. *Journal of Animal Science* 57, 6-18.
- Duncan, I.J.H., 1996. Animal welfare defined in terms of feelings. *Acta Agriculturae Scandinavica Section a-Animal Science*, 29-35.
- Krause, S.R., 2013. Beyond non-domination: Agency, inequality and the meaning of freedom. *Philosophy & Social Criticism* 39, 187-208.
- Kremer, L., Holkenborg, S.E.J.K., Reimert, I., Bolhuis, J.E., Webb, L.E., 2020. The nuts and bolts of animal emotion. *Neuroscience and Biobehavioral Reviews* 113, 273-286.
- LeDoux, J., 2003. The emotional brain, fear, and the amygdala. *Cell Mol Neurobiol* 23, 727-738.
- Paul, E.S., Harding, E.J., Mendl, M., 2005. Measuring emotional processes in animals: the utility of a cognitive approach. *Neuroscience and Biobehavioral Reviews* 29, 469-491.
- Spinka, M., 2019. Animal agency, animal awareness and animal welfare. *Animal Welfare* 28, 11-20.
- Veissier, I., Lesimple, C., Brunet, V., Aubé, L., Botreau, R., accepted. Review: Rethinking environmental enrichment as providing opportunities to acquire information. *Animal*.

# Bien-être des porcs et des volailles en élevages biologiques et de plein air : apports du projet européen PPILOW

**Auteur – Orateur :** Anne Collin

**Unité :** 0083 BOA

## Liste complète des auteurs :

Anne Collin, Claire Bonnefous, Elisabeth Le Bihan-Duval, Sophie Réhault-Godbert, Joël Gautron, Bertrand Méda, Théophile De Rauglaudre, Sandrine Mignon-Grasteau, Julie M. Collet, Elodie Guettier, Marine Pérard, Sonia Métayer-Coustard, Pascal Chartrin, Laurence A. Guilloteau, Nelly Bernardet, Thierry Bordeau, Nathalie Couroussé, Estelle Godet, Estelle Cailleau-Audouin, Clément Gérard, Emilie Raynaud, Cécile Berri (BOA) ; Vitor Bessa Ferreira, Ludovic Calandreau (PRC) ; Valérie Labas, Ana-Paula Teixeira, Svetlana Uzbekova (PRC) ; Karine Germain, Laure Ravon (EASM) ; Jérémy Bernard, Joël Delaveau, Christophe Rat (PEAT) ; Laurianne Canario (GenPhySE) ; Stéphane Ferchaud (GenESI) ; Armelle Prunier, Céline Tallet, Caroline Clouard, Elodie Merlot, Bénédicte Lebreton (PEGASE)

## Grand Objectif scientifique :

GOS 1 – Priorité 2

## Résumé :

Grâce à une approche multi-acteurs mise en œuvre par 22 partenaires de 9 pays, le projet H2020 PPILOW (*Poultry and Pig Low-input and Organic production systems' Welfare ; 2019-2024*) a eu pour objectif de coconstruire des solutions visant à améliorer le bien-être des volailles et porcs élevés dans des systèmes de production biologiques et de plein air. L'approche participative de PPILOW, mise en œuvre notamment en France par INRAE et l'ITAB, a impliqué les acteurs des filières, des scientifiques et citoyens pour identifier, tester et évaluer des leviers d'amélioration du bien-être animal (BEA) [1]. Le projet a notamment permis de proposer des stratégies d'amélioration du BEA pour les poules pondeuses [2], et de préciser leur perception par les consommateurs [3]. Le consortium a développé l'application numérique PIGLOW (actuellement utilisée en routine à Porganic, UE GenESI) pour l'évaluation du BEA des porcs en élevages alternatifs avec l'institut ILVO (Belgique), et participé à l'extension de la méthode EBENE® pour ces systèmes avec l'ITAVI [4,5]. Des travaux ont été menés pour identifier des stratégies de sélection et d'élevage innovantes qui évitent la castration des porcelets mâles tout en limitant les comportements délétères et le risque d'odeur de verrat de la viande [6]. Nous avons étudié des alternatives à l'élimination des poussins mâles de souche ponte en évaluant les performances de souches à double fin [7] et en participant au développement d'une nouvelle technique d'ovosexage [8]. Le projet a aussi permis d'identifier les facteurs individuels de variabilité de l'exploration des parcours par le poulet de chair [9-13], de proposer des extraits végétaux aux propriétés antiparasitaires chez le porc [14] et de sélectionner, puis de caractériser aux niveaux comportemental et physiologique, une lignée de truies dont la survie des porcelets serait améliorée en conditions d'élevage biologiques [15]. En ferme, le comportement des truies et porcelets sur parcours équipé de logements perfectionnés au cours du projet a été analysé [16]. L'éclosion en bâtiment plutôt qu'en couvoir a été testée pour limiter les perturbations postnatales du poussin, en identifiant les marges d'amélioration et limites à son application en ferme biologique et de plein air [17]. Des évaluations multicritères des stratégies d'élevage les plus prometteuses ont été réalisées pour leurs impacts économiques, sociaux et environnementaux sur la base du concept « *One Welfare* » [18]. Cette démarche englobe les objectifs de durabilité et de bien-être animal et humain. Des modèles économiques ont été développés pour l'utilisation de porcs mâles non castrés, de souches de poulets de chair adaptées au parcours ou de volailles à double fin permettant de valoriser les mâles pour la viande et les femelles pour la ponte. Plusieurs vidéos, *Practice Abstracts* et fiches techniques ont été produites pour une large diffusion de nos résultats en France et en Europe ([www.ppilow.eu](http://www.ppilow.eu)).

## Références bibliographiques :

[1] Micheloni C., Jamart A., Re M., van Vooren L., Niemi J., ... Collin A. (2021). The multi-actor PPILOW European project: a participative approach to co-build innovations for welfare improvement in organic pig and poultry farms. *Organic World Congress 2021*, Rennes, France (2021-09-06 - 2021-09-10).

[2] Bonnefous C., Collin A., Guilloteau L., Guesdon V., Filliat C., Réhault-Godbert S., .... Leterrier C. (2022). Welfare issues and

potential solutions for laying hens in free range and organic production systems: A review based on literature and interviews. *Frontiers in Veterinary Science*, Volume 9 - 2022 | <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.952922>.

[3] Harju C., Lähtinen K., Heinola K., Väre M., Bonnefous C., Collin A., Cozma V., Kliphuis, S., Parrott P., Rodenburg T.B., Spinu M., Niemi J. (2023). Consumers' views on egg quality and preferences for responsible production – Results from nine European countries. *British Food Journal*. 126 (2), 623-644, 2024.

[4] Graat E., Warin L., Vanden Hole C., Bas Rodenburg T., Pertusa M., Collin A., Tuytens F. A. (2022). Opinions of organic and free-range broiler farmers on animal welfare and the EBENE(R) app for animal welfare self-assessments. Presented at: *26th World's Poultry Congress*, Paris, France (2022-08-07 - 2022-08-11)

[5] Ferchaud S., Khélifi G., Merlot E., Courboulay V., Graat E., Tuytens F., Collin A. PIGLOW, une application pour évaluer le bien-être animal en élevages porcins. *Novae*, in press.

[6] Lebret B., Ferchaud S., Poissonnet A., Prunier A. (2024). Effets du type génétique sur le bien-être et la qualité de la viande de porcs mâles non castrés en élevage biologique. *Journées Recherche Porcine*, 56, 7-12.

[7] Lombard S., Pluschke H., Desaint B., Reverchon M., Roinsard A., Tavares O., Germain K., Ravon L., Collin A., Ferriz M. et al. (2023). Case Study of a newly-developed genotype for dual purpose rearing of male chicks. Presented at: *74. EAAP-WAAP-Interbull*, Lyon, France (2023-08-26 - 2023-09-01).

[8] Réhault-Godbert S., Bourin M., Gautron J., Quentin M. (2023). Fin de l'élimination des poussins mâles d'un jour : le choix du sexe in ovo. *INRAE Productions Animales* 2023, 36 (4), 7453.

[9] Ferreira VHB, Simoni A, Germain K, Leterrier C, Lansade L, Collin A, Mignon-Grasteau S, Le Bihan-Duval E, Guettier E, Leruste H, Calandreau L, Guesdon V. (2021). Working for food is related to range use in free-range broiler chickens. *Sci Rep*. 11(1):6253. doi: 10.1038/s41598-021-85867-2.

[10] Ferreira VHB, Simoni A, Germain K, Leterrier C, Lansade L, Collin A, Mignon-Grasteau S, Le Bihan-Duval E, Guettier E, Leruste H, Løvlie H, Calandreau L, Guesdon V. (2022). Foraging Behavior Shows Individual-Consistency Over Time, and Predicts Range Use in Slow-Growing Free-Range Male Broiler Chickens. *Front Vet Sci*; 9: 814054. doi: 10.3389/fvets.2022.814054. eCollection 2022.

[11] Bonnefous C., Calandreau L., Le Bihan-Duval E., Ferreira V.H.B., Barbin A., Collin A., Reverchon M., Germain K., Ravon L., Kruger N., Mignon-Grasteau S., Guesdon V. (2023). Behavioural indicators of range use in four broiler strains, *Applied Animal Behaviour Science*, 260, 105870, <https://doi.org/10.1016/j.applanim.2023.105870>.

[12] Bonnefous C., Collin A., Guilloteau L.A. et al. Performance, meat quality and blood parameters in four strains of organic broilers differ according to range use, 25 July 2023, *PREPRINT (Version 1) available at Research Square* [<https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-3164049/v1>]

[13] Collet JM, Bonnefous C, Germain K, Ravon L, Calandreau L, Guesdon V, Collin A, Le Bihan-Duval E, Mignon-Grasteau S. (2024). High-throughput phenotyping to characterise range use behaviour in broiler chickens. *Animal*. 18(3):101099. doi: 10.1016/j.animal.2024.101099. Epub 2024 Feb 1.

[14] Băieș MH, Cotuțiu VD, Spînu M, Mathe A, Cozma-Petruț A, Bolboacă SD, Engberg RM, Collin A, Cozma V. (2024). In vivo assessment of the antiparasitic effects of *Allium sativum* L. and *Artemisia absinthium* L. against gastrointestinal parasites in swine from low-input farms. *BMC Vet Res*. 20(1):126. doi: 10.1186/s12917-024-03983-3.

[15] Canario L., Ferchaud S., Moreau S., Larzul C., Prunier A. (2023). Large White genetics in organic system: breeding for piglet survival. *74th EAAP-WAAP-Interbull 2023*, Lyon, France.

[16] Jahoui A., Malmkvist J., Pedersen L.J., Lieubeau B., Hervé J., Tallet C. (2024). Sows and piglets adjust their use of an outdoor paddock with season and piglet age during the first weeks of life in an organic farm, *Applied Animal Behaviour Science*, 106325, .

[17] Collin A., Guyot Y., Bonnefous C., Souchet C., Bouvry D., et al. (2024). Effects of on-farm hatching on performance, adaptive capacity, and animal welfare of slow-growing broiler chickens. *SEMINAR "Early life strategies to improve health, welfare and resilience in later life for layer pullets and broiler chickens within low-input and organic production systems"*, WUR, INRAE, ITAVI, Utrecht University, May 2024, Wageningen, Netherlands.

[18] Garcia Pinillos R., Appleby M., Manteca X., Scott-Park F., Smith C., Velarde A. (2016). One Welfare – a platform for improving human and animal welfare. *Veterinary Record*, 179, 412-413. doi: 10.1136/vr.i5470 .

**Mots-clés** : Bien-être, Santé, Application numérique, Porc, Volailles, Plein air, Agriculture Biologique

## Elevage de porcs mâles non castrés en agriculture biologique : zootechnie et comportement. Le poivre des moines, une aide ?

**Auteur – Orateur :** Stéphane Ferchaud

**Unité :** UE GENESI

### Liste complète des auteurs :

Ghylène Goudet<sup>1</sup>, Tony Terrasson<sup>2</sup>, Anne-Lyse Lainé<sup>1</sup>, Thibaut Chabrilat<sup>3</sup>, Stéphane Ferchaud<sup>2</sup>

<sup>1</sup> UMR PRC, INRAE, 37380 Nouzilly, France

<sup>2</sup> UE GENESI, INRAE, 86480 Rouillé, France

<sup>3</sup> Phytosynthèse, 63200 Mozac, France

### Grand Objectif scientifique :

GOS 1 – Priorité 2

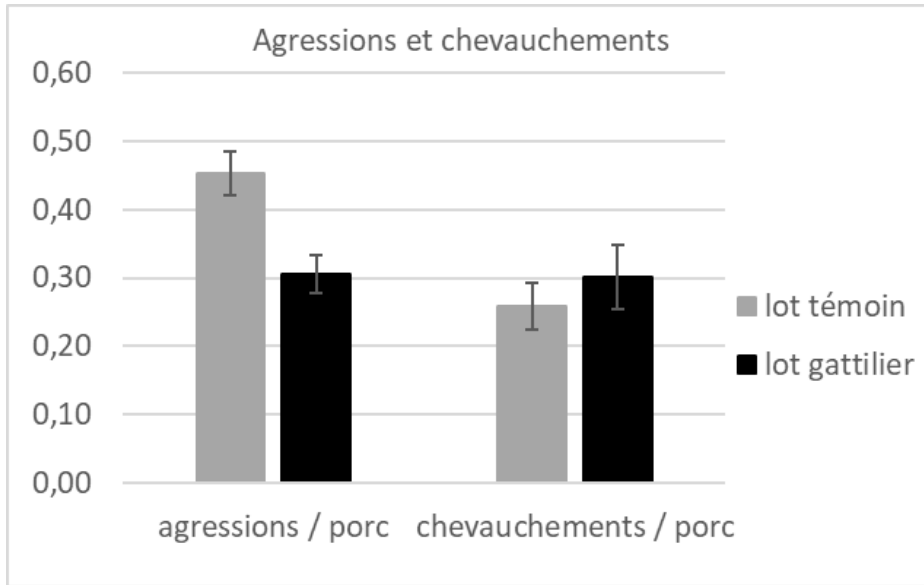
### Résumé :

Afin d'éviter la castration des porcelets pratiquée pour éviter l'odeur de verrat de la viande et limiter les comportements agressifs, l'élevage de porcs mâles non castrés est une alternative respectueuse de l'intégrité de l'animal et qui permet la production de porcs plus efficaces et ayant un taux de muscle des pièces (TMP) plus élevé, donc mieux valorisés. En agriculture biologique, cette pratique est encore peu utilisée par manque de données zootechniques. Au sein du dispositif expérimental INRAE Porganic, les porcs mâles ne sont pas castrés.

Dans un premier temps, cette étude rétrospective présente les caractéristiques de croissance, indice de consommation, taux de mortalité, rendement et qualité de carcasse des 1660 porcs mâles abattus depuis 2020, produits à partir des 50 truies Large White du dispositif Porganic, sur 3 générations, inséminées en Large-White ou en Piétrain. Les caractéristiques des femelles sont présentées à titre de comparaison. Les porcs mâles ont été abattus à  $180 \pm 15$  jours, à un poids vif moyen de  $123,9 \pm 15,2$  Kg. Ils présentaient de bonnes performances de croissance et de meilleurs indices de consommation que les femelles. La fréquence de mâles détectés odorants par l'abattoir était plus faible qu'attendue (12 porcs déclassés soit 0,7%) et plus faible qu'en élevage conventionnel avec des types génétiques équivalents comme au sein de l'unité expérimentale GenESI.

Cependant, et notamment dans les conditions d'élevage biologique, les porcs mâles non castrés expriment des comportements sexuels de chevauchement entraînant des blessures et des comportements agressifs altérant leur bien-être. Afin de diminuer ces comportements, nous avons testé l'effet du gattilier (*Vitex agnus-castus*, poivre des moines), une plante utilisée par les moines au Moyen-âge pour son effet anaphrodisiaque. Nous avons montré que la distribution pendant l'engraissement d'une dose fixe de poudre de fruits de gattilier (10 g par animal et par jour) à des porcs mâles non castrés diminuait les comportements de chevauchement, mais ce résultat n'a pas pu être répété (Vanbauce *et al*, 2023). Nous avons donc testé la distribution d'une dose croissante de gattilier. Pour cela, un lot de 28 porcs a reçu une dose croissante de poudre de fruits de gattilier : 10 g par porc et par jour de 112 jours d'âge (60 kg en moyenne) à 135 jours, 15 g jusqu'à 155 jours et 20 g jusqu'à l'abattage (120 kg en moyenne). Un lot témoin de 27 porcs ne recevait pas de gattilier. Nous avons suivi la consommation moyenne d'aliment et le poids vif des animaux, et évalué le nombre de chevauchements et d'agressions matin et soir une fois par semaine. Des prélèvements de sang et de salive ont été réalisés à 150 jours d'âge pour mesurer les taux de testostérone et de cortisol. Le nombre de bagarres était significativement plus faible dans le lot de porcs recevant la poudre de fruits de gattilier comparativement au lot témoin ( $p < 0,05$ ), le nombre de chevauchements n'était pas significativement différent. Figure1





**Figure 1** – Moyenne ( $\pm$ SEM) du nombre d’agressions et de chevauchements par porc et par jour pour les lots témoin et gattilier de 112 jours d’âge à l’abattage

Ces résultats confirment la possibilité d’élever des mâles non castrés en agriculture biologique. Les travaux visant à diminuer les comportements sexuels et agressifs doivent être poursuivis.

**Références bibliographiques :**

Camille Vanbauce, Carole Guerin, Ghylène Goudet, Stéphane Ferchaud, Céline Tallet, Armelle Prunier. Peut-on diminuer les comportements sexuels des porcs mâles non-castrés par l’ajout de poudre de fruits du gattilier (*Vitex agnus castus*) dans l’aliment ? 55èmes Journées de la Recherche Porcine, 31 janvier – 1<sup>er</sup> février 2023, Saint-Malo, France, 85-86.

**Mots-clés :** Porcin, castration, croissance, consommation, plante, comportement sexuel

## Offrir chaque jour deux fourrages de façon asynchrone : une incroyable faculté d'adaptation des chèvres pour exprimer leurs préférences alimentaires

**Auteur – Orateur :** DELAGARDE Rémy

**Unité (codique + sigle) :** 1348 PEGASE

**Liste complète des auteurs (Noms + sigles unités) :**

Delagarde Rémy, Pegase, Caillat Hugues, Ferlus, Puillet Laurence, Mosar, Boyer Claire, Idele, Bluet Bertrand, Idele

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 1 – Priorité 2

**Résumé :**

La diversité de l'offre fourragère est une des clés de voûte des systèmes alimentaires caprins, pour respecter le bien-être des chèvres, et pour stimuler leur ingestion. Les enquêtes terrain ont montré que la majorité des éleveurs distribuent au moins deux types de fourrage par jour, et de façon asynchrone (matin et soir). L'ordre de distribution questionne éleveurs, conseillers et chercheurs : faut-il donner le « meilleur » fourrage le matin ou le soir ? Nous avons cherché à déterminer si l'ordre de distribution de deux fourrages au cours de la même journée influençait le comportement alimentaire, l'ingestion et la production des chèvres (projet F2E MaxForGoat). Cinq essais ont été réalisés en 2022 et 2023 à la ferme de Méjusseume (IEPL, Pegase) sur des chèvres laitières Alpine en début ou milieu de lactation. Les combinaisons deux à deux de fourrages testées, définies au sein du GAC (Groupe d'Alimentation Caprine), ont été les suivantes : herbe verte et ration complète ensilage de maïs-tourteau de soja (essai 1), foin de luzerne et ensilage de maïs (essai 2), foin de luzerne et enrubannage de graminées (essai 3), foin de luzerne de bonne qualité et foin de luzerne de qualité moyenne (essai 4), herbe verte et foin de graminées de qualité médiocre (essai 5). Selon les essais, la complémentation variait de 300 à 600 g/jour de concentré. Les essais ont tous été réalisés selon un schéma en inversion, au cours de 3 ou 4 périodes successives de 2 semaines chacune, avec 2 lots homogènes de 12 chèvres par essai. Le poids vif (1 jour en fin de période), la production du lait (chaque jour) et la composition du lait (4 jours en fin de période) ont été mesurés individuellement. Les quantités offertes, refusées et ingérées de chaque fourrage (par pesée, chaque jour), ainsi que la cinétique journalière des activités d'ingestion (par vidéo, deux jours/période) ont été mesurées à l'échelle du lot. L'herbe verte et le bon foin de luzerne ont toujours été les fourrages préférés. En moyenne, les chèvres ont exprimé des choix plus ou moins forts selon les combinaisons de fourrages proposés, depuis un rapport d'ingestion entre fourrages de quasiment 50:50 (essai 2) à un rapport de 90:10 (essai 5). Les chèvres peuvent donc boudier le fourrage le moins préféré pendant très longtemps en attendant leur préféré ! Dans tous les cas, chaque fourrage a été plus consommé lorsqu'il a été distribué le soir que le matin (+53% en moyenne, durée d'accès 15h45 contre 6h30 le matin). Les chèvres tendent à ingérer plus sur 24 h lorsque le fourrage préféré est distribué le soir. Les effets de l'ordre de distribution sur la production laitière ont été très variables selon les combinaisons de fourrages, reflétant les variations d'ingestion totale et/ou de qualité de la ration. En conclusion, diversifier l'offre de fourrages avec des pratiques de distribution asynchrone permet aux chèvres d'exprimer des choix extrêmement clairs en adaptant leur comportement à leurs préférences.

**Mots-clés :** diversité, fourrage, chèvre, choix alimentaires asynchrones, nyctémère, comportement, ingestion

# Les conditions précoces d'élevage artificiel des agnelles ont-elles un impact sur leurs capacités maternelles ultérieures au pâturage ?

**Auteur – Orateur :** Xavier Boivin

**Unité :** UMR 1213, UMRH

## Liste complète des auteurs :

Xavier Boivin<sup>1</sup>, Nadège Aigueperse<sup>1</sup>, Gaël Barbier<sup>1</sup>, Christian Durand<sup>2</sup>, Margot Lamarque<sup>2</sup>, Anne Lyse Lainé<sup>3</sup>, Mélissa Vauris<sup>1</sup>, Elodie Chaillou<sup>3</sup>, Raymond Nowak<sup>3</sup>, Cécile Ginane<sup>11</sup> UMR Herbivores, INRAE, VetAgro Sup, Université Clermont-Auvergne, 63122 Saint Genès-Champanelle, France<sup>2</sup> UE0321 INRAE LaFage<sup>3</sup> UMR PRC

## Grand Objectif scientifique :

GOS 1 – Priorité 2

## Résumé

Chez les herbivores, la robustesse du comportement maternel est un enjeu important pour la survie des jeunes, en particulier en élevage extérieur<sup>1</sup>. Avec la pratique fréquente de l'allaitement artificiel pour les agneaux, il est possible que ces premières expériences impactent durablement leur comportement, en particulier maternel. Dans le cadre d'une API PHASE, nous avons étudié le comportement maternel et la libération d'ocytocine plasmatique chez des brebis Romanes primipares selon leur expérience précoce (trois premiers mois de vie) : élevées artificiellement en bergerie (AR, n=17) ou élevées sous la mère au pâturage (MR, n=18). Nous avons émis l'hypothèse selon laquelle les brebis AR ont des aptitudes maternelles réduites par rapport aux brebis MR. Toutes les brebis ont mis bas au pâturage sur le site INRAE de La Fage (Aveyron). Elles avaient en moyenne  $2,0 \pm 0,8$  agneaux, sans différence entre leur mode précoce d'élevage ( $P > 0,9$ ). Les aptitudes maternelles ont été évaluées dans les deux jours suivant la mise-bas grâce à des tests standardisés, tels que la réponse à l'approche d'un expérimentateur sur le site de mise-bas<sup>2</sup>, un test de sélectivité vis-à-vis de son agneau ou d'un agneau étranger<sup>3</sup>. Conformément aux protocoles habituels d'élevage de la ferme, un seul agneau a été laissé sous la mère quand elle est primipare. Un mois plus tard, un observateur familier a enregistré la proximité spontanée entre les brebis et leurs agneaux au pâturage par échantillonnage instantané. Sur le site de mise bas, plus de brebis AR que de brebis MR sont restées près de leurs agneaux lorsqu'elles étaient approchées par des humains ( $P < 0,05$ ). Toutes les brebis étaient sélectives, rejetant un agneau étranger tout en acceptant le leur, à l'exception de deux AR et d'une MR. Néanmoins, les brebis AR semblaient plus perturbées lors de ces tests, montrant plus de flairages d'agneaux et des tentatives de fuite de l'enclos ( $P < 0,05$ ) que les brebis MR. Au pâturage, les brebis AR et MR ont montré une proximité similaire avec leurs agneaux ( $P = 0,32$ ). Comme attendu<sup>1</sup>, les niveaux d'ocytocine ont augmenté après la mise-bas par rapport aux semaines précédant la mise bas ( $P < 0,001$ ), mais indépendamment de l'expérience précoce ( $P > 0,05$ ). Les niveaux d'ocytocine n'étaient pas corrélés aux performances maternelles. Globalement, nos résultats n'indiquent pas que les conditions précoces d'élevage affectent les capacités maternelles des agnelles. De telles aptitudes sont sans doute très ancrées dans l'histoire évolutive de l'espèce. Nos résultats confirment à l'inverse que l'expérience précoce peut avoir des impacts durables, en particulier sur les réponses ultérieures des brebis aux interactions humaines<sup>4</sup>

## Références bibliographiques :

- 1- Dwyer, C. M. (2014). Maternal behaviour and lamb survival: from neuroendocrinology to practical application. *Animal*, 8(1), 102-112.
- 2- Nowak, R., & Boivin, X. (2015). Filial attachment in sheep: Similarities and differences between ewe-lamb and human-lamb relationships. *Applied Animal Behaviour Science*, 164, 12-28.
- 3- Hazard, D., Macé, T., Kempeneers, A., Delval, E., Foulquié, D., Bouix, J., & Boissy, A. (2020). Genetic parameters estimates for ewes' behavioural reactivity towards their litter after lambing. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 137(4), 374-383
- 4- Nowak, R., Keller, M., & Lévy, F. (2011). Mother–young relationships in sheep: a model for a multidisciplinary approach of the study of attachment in mammals. *Journal of neuroendocrinology*, 23(11), 1042-1053.

**Mots-clés :** bien-être animal, comportement maternel, brebis

# Organoïdes endométriaux comme modèle d'étude *in vitro* de l'endométrite chez la jument

**Auteur – Orateur :** Mariam Raliou ou Pascale Chavatte-Palmer

## **Auteurs**

Maria J. Estradré, Marta Dordas, Fabrice Reigner, Bruyas Jean-François, Pascale Chavatte-Palmer et Mariam Raliou

## **Unité :**

UMR 1198 BREED

## **Liste complète des auteurs :**

Maria J. Estradré (de l'Universidad de la República, Uruguay), Marta Dordas (ENVA BREED), Fabrice Reigner (INRAE UEPAO), Bruyas Jean-François (ONIRIS NANTES), Pascale Chavatte-Palmer (INRAE BREED) et Mariam Raliou (INRAE BREED)

## **Grand Objectif scientifique :**

GOS 1 – Priorité 3

## **Résumé :**

L'endométrite est la principale cause de sous-fertilité chez la jument [1, 2] et la troisième maladie la plus fréquente chez les chevaux [3], causant des pertes économiques importantes pour l'élevage équin. Après un accouplement naturel ou une insémination artificielle, une réponse inflammatoire physiologique transitoire se met en place dans l'utérus [2]. Chez les juments résistantes, des mécanismes locaux de défense assurent une élimination rapide de l'inflammation, alors que chez les juments sensibles cette inflammation persiste [4], ce qui génère un environnement utérin néfaste pour les spermatozoïdes et inadapté à la vie embryonnaire.

*In vivo*, l'endométrite est étudiée par analyse du liquide intra-utérin ou par des biopsies endométriales [5-8], cette dernière approche ayant montré ses limites. D'autres auteurs ont utilisé des approches systémiques pour identifier des biomarqueurs de l'endométrite chez la jument [9] et chez la vache [10].

*In vitro*, de nombreux modèles de l'endomètre ont été développés, notamment les primo-cultures des cellules utérines en monocouches [11], les explants [12, 13] et la co-culture de cellules épithéliales et stromales [14]. D'autres approches utilisant des modèles cellulaires complexes notamment les organoïdes ont été également utilisés [15]. Les organoïdes endométriaux sont utilisés pour étudier les interactions materno-fœtales [16], la fonction endométriale dans des conditions physiologiques normales [17, 18] et pathologiques [19].

Notre étude vise à développer des organoïdes à partir de biopsies utérines réalisées chez de juments sensibles et résistantes à l'endométrite, à caractériser ces organoïdes pour évaluer des différences morphologiques et leurs réponses fonctionnelles aux stimuli, en fonction du phénotype des juments.

Pour dériver les organoïdes à partir des glandes endométriales, la technologie des hydrogels (Matrigel) a été utilisée. Le protocole a été adapté de celui utilisé pour dériver des organoïdes endométriaux chez la souris et l'humain.

Les résultats obtenus ont montré que les organoïdes peuvent être dérivés des cellules des biopsies endométriales réalisées chez des juments sensibles et résistantes. Jusqu'à présent aucune étude, à notre connaissance, n'a dérivé des organoïdes à partir des cellules endométriales des juments sensibles. Les organoïdes issus de deux phénotypes ont été soumis à une stimulation au lipopolysaccharide pendant 6 et 24 heures.

La coloration hématoxyline éosine des coupes histologiques d'organoïdes endométriaux a montré que les organoïdes obtenus reproduisent la structure morphologique similaire à celles des glandes endométriales d'origine. La caractérisation de ces organoïdes endométriaux au microscope électronique à transmission a révélé des cellules épithéliales polarisées, ciliées et présentant une structure tubulaire avec l'identification des pôles apical et basal. L'imagerie 3D d'organoïdes entiers à l'aide de la microscopie de fluorescence à feuilles de lumière a montré la ressemblance phénotypique des organoïdes avec les glandes endométriales d'origine.

## **Références bibliographiques :**

1. LeBlanc, M.M. and R.C. Causey, *Clinical and subclinical endometritis in the mare: both threats to fertility*. *Reprod Domest Anim*, 2009. **44 Suppl 3**: p. 10-22.
2. Troedsson, M.H., *Uterine clearance and resistance to persistent endometritis in the mare*. *Theriogenology*, 1999. **52**(3): p. 461-71.
3. Traub-Dargatz, J.L., M.D. Salman, and J.L. Voss, *Medical problems of adult horses, as ranked by equine practitioners*. *J Am Vet Med Assoc*, 1991. **198**(10): p. 1745-7.
4. Troedsson, M.H. and E.M. Woodward, *Our current understanding of the pathophysiology of equine endometritis with an emphasis on breeding-induced endometritis*. *Reprod Biol*, 2016. **16**(1): p. 8-12.
5. Christoffersen, M., et al., *Inflammatory responses to induced infectious endometritis in mares resistant or susceptible to persistent endometritis*. *BMC Vet Res*, 2012. **8**: p. 41.
6. Kotilainen, T., M. Huhtinen, and T. Katila, *Sperm-induced leukocytosis in the equine uterus*. *Theriogenology*, 1994. **41**(3): p. 629-36.
7. Luttgenu, J., et al., *Intrauterine infusion of killed semen adversely affects uterine blood flow and endometrial gene expression of inflammatory cytokines in mares susceptible to persistent breeding-induced endometritis*. *Theriogenology*, 2021. **163**: p. 18-30.
8. Kalpokas, I., et al., *Effect of a povidone-iodine intrauterine infusion on progesterone levels and endometrial steroid receptor expression in mares*. *Acta Vet Scand*, 2010. **52**(1): p. 66.
9. Christoffersen, M., et al., *Evaluation of the systemic acute phase response and endometrial gene expression of serum amyloid A and pro- and anti-inflammatory cytokines in mares with experimentally induced endometritis*. *Vet Immunol Immunopathol*, 2010. **138**(1-2): p. 95-105.
10. Raliou, M., et al., *Subclinical endometritis in dairy cattle is associated with distinct mRNA expression patterns in blood and endometrium*. *PLoS One*, 2019. **14**(8): p. e0220244.
11. Szostek, A.Z., et al., *Effects of cell storage and passage on basal and oxytocin-regulated prostaglandin secretion by equine endometrial epithelial and stromal cells*. *Theriogenology*, 2012. **77**(8): p. 1698-708.
12. Nash, D.M., et al., *Endometrial explant culture to study the response of equine endometrium to insemination*. *Reprod Domest Anim*, 2010. **45**(4): p. 670-6.
13. Schwinghamer, R., et al., *Equine Endometrial Explants Undergo Significant Degenerative Changes in Culture*. *Anat Rec (Hoboken)*, 2018. **301**(1): p. 148-153.
14. Lapko, L., et al., *Establishment and characterization of a coculture system of equine endometrial epithelial and stromal cells*. *Reprod Domest Anim*, 2017. **52**(2): p. 327-334.
15. Bourdon, G., et al., *Progress and challenges in developing organoids in farm animal species for the study of reproduction and their applications to reproductive biotechnologies*. *Vet Res*, 2021. **52**(1): p. 42.
16. Turco, M.Y., et al., *Trophoblast organoids as a model for maternal-fetal interactions during human placentation*. *Nature*, 2018. **564**(7735): p. 263-267.
17. Boretto, M., et al., *Development of organoids from mouse and human endometrium showing endometrial epithelium physiology and long-term expandability*. *Development*, 2017. **144**(10): p. 1775-1786.
18. Turco, M.Y., et al., *Long-term, hormone-responsive organoid cultures of human endometrium in a chemically defined medium*. *Nat Cell Biol*, 2017. **19**(5): p. 568-577.
19. Boretto, M., et al., *Patient-derived organoids from endometrial disease capture clinical heterogeneity and are amenable to drug screening*. *Nat Cell Biol*, 2019. **21**(8): p. 1041-1051.

**Mots-clés** : Endomètre, organoïdes, glandes, jument, endomérite, inflammation



## La méthode Trust technique® peut-elle améliorer le bien-être animal ? Preuve de concept sur le stress et l'agressivité des rongeurs.

**Auteur – Orateur :** Christelle Bertrand-Gaday

**Unité :** 866 DMEM

**Liste complète des auteurs :**

Bertrand-Gaday Christelle, DMEM, Chatonnet Arnaud, DMEM, Vernus Barbara, DMEM

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 1 – Priorité 3

**Résumé :**

Jusqu' alors spécialisée dans l'analyse physiologique, génétique et moléculaire, l'unité DMEM a depuis plusieurs années élargi ses compétences avec des analyses comportementales sur modèle souris : d'abord en collaboration avec l'unité MMDN U1198 Montpellier (T. Maurice), puis en investissant dans des outils/dispositifs (labyrinthe en croix, test d'anxiété clair/obscur, open field), systèmes vidéo et logiciels d'analyses.

Plusieurs projets ont abouti ou sont en cours de finalisation :

- Mémoire des souris KO pour la butyrylcholinestérase et tests de composés susceptibles de contrer les effets de la formation des plaques amyloïdes de la pathologie d'Alzheimer (Carles 2024)
- Analyse de l'agressivité des souris KO pour la myostatine et pistes de recherche des causes de cette agressivité (CI Ghre-MUSCLE).
- Rôle du microbiote dans la relation entre activité physique, santé et bien-être (CI BEST).

Plus récemment, grâce au financement du projet incitatif « Relax Mice », en collaboration avec l'UE PAO (T. Aguirre-Lavin), nous proposons une approche susceptible de réduire le stress chez nos rongeurs expérimentaux.

La Trust technique® repose sur une attitude de considération bienveillante pour accompagner l'apaisement, et la résilience physique et émotionnelle des animaux. Nous avons mené une expérience isolée (C. Mulier, [Eqipona](#)) sur souris qui s'est révélée très concluante. Lors d'une séance de 45 min, la praticienne a adopté une attitude de bienveillance pour accompagner l'apaisement de l'animal, en introduisant la main dans la cage et en laissant l'animal venir de lui-même. Nous avons observé en une semaine un apaisement global de l'individu, et une disparition de l'agressivité envers l'expérimentateur.

Le premier objectif est d'obtenir une preuve de concept de la baisse d'anxiété et d'agressivité par cette technique afin de regrouper des individus mâles ensemble. Nous pourrions ainsi répondre aux recommandations d'hébergement en groupe préconisé par les structures de bien-être animal et les comités d'éthique.

Lors de la phase 1 dans l'IE DMEM nous avons observé de façon significative une augmentation du poids et une baisse de la température centrale des animaux traités avec la Trust technique. Nous poursuivons les analyses comportementales et préparons la phase 2 qui sera réalisée dans l'UE PAO.

Il sera nécessaire d'évaluer jusqu'à quel degré cette technique est généralisable en maintenant une standardisation des expérimentations, sans influencer sur la variabilité des lots expérimentaux et l'investissement en temps des expérimentateurs. Il faudra évaluer également le gain en fiabilité des tests de comportement.

Il est évident que cette technique s'inspire de l'attitude depuis toujours employée chez les éleveurs d'animaux de rente sans qu'il y ait eu d'incitation par la recherche. Il est possible que l'analyse en laboratoire permette de quantifier le bénéfice et donc de rationaliser ces techniques pour assurer leur maintien ou les promouvoir.

**Références bibliographiques :**

- 1- Carles A., Hoffmann M., Scheiner M., Crouzier L., Bertrand-Gaday C., Chatonnet A., Decker M. and Maurice T. The selective butyrylcholinesterase inhibitor UW-MD-95 shows symptomatic and neuroprotective effects in a pharmacological mouse model of Alzheimer's disease *CNS Neuroscience & Therapeutics*, 2024, <https://doi.org/10.1111/cns.14814>

**Mots-clés :** Raffinement / Bien-être animal / Trust Technique /Stress / Agressivité

## Validation du prélèvement de jus de rumen par intubation œsophagienne pour inoculer des mini fermenteurs continus

**Auteur – Orateur :** Berthelot Valérie

**Unité :** UMR 0971 MoSAR

### Liste complète des auteurs :

Valérie BERTHELOT<sup>1</sup>, Meriem CHAREF-MANSOURI<sup>1</sup>, Sylvie GIGER-REVERDIN<sup>1</sup>, Laurent-P. BROUDISCOU<sup>1,2</sup>

1 UMR 791 MoSAR , 2 UMR 1419 NuMeA

### Grand Objectif scientifique :

GOS 1 – Priorité 3

### Résumé :

La validation d'alternatives à la canulation du rumen (CR) pour l'étude du métabolisme microbien ruminal est nécessaire pour répondre la demande sociétale de techniques moins invasives en expérimentation animale. Dans le cadre du programme Alterfi, nous avons comparé la technique standard d'obtention d'inoculum par CR au prélèvement par intubation œsophagienne (IO) sur la base des paramètres fermentaires, de l'intensité de la méthanogenèse et de la composition du microbiote dans des mini fermenteurs à double effluent conçus et mis au point à l'UMR MoSAR. Ce nouveau dispositif a un volume de travail de 80 mL (vs 1 L dans les fermenteurs comparables) et génère des taux de renouvellement des phases liquide et solide du milieu semblables à l'*in vivo* (7 %/h et 3 %/h respectivement). Il permettra d'étudier l'action à moyen terme d'agents de mitigation de la méthanogenèse ruminale (Broudiscou et al., 2023) ou de quantifier les flux de nutriments d'origine alimentaire ou microbienne altérant la qualité des produits de ruminants, tels que les acides gras à longue chaîne (Berthelot et al., 2019). Lors de notre étude comprenant 4 périodes de 7 jours, le contenu du rumen de 2 chèvres tarées canulées est échantillonné par IO et CR avant le repas du matin. Chaque condition pour chaque chèvre est testée en double sur un régime (foin 0,6 ; orge 0,2, tourteau de soja 0,2) distribué à 08h30 et 15h30. A la fin de chaque période, les effluents et les milieux des 8 fermenteurs sont échantillonnés pour mesurer la production des produits terminaux de fermentation et la composition du microbiote par métataxonomie 16S (régions V4/V5). La concentration totale en acides gras à chaîne courte (AGCC) des inocula du rumen est plus faible avec IO qu'avec CR (P=0,008), sans différence entre profils fermentaires. Après 5 jours d'adaptation, les paramètres fermentaires ne sont pas significativement différents entre IO et CR (tableau). Les indices de Chao1 et Shannon sur 1285 ASV sont respectivement de 1078 et 5,22 avec CR et de 1069 et 5,22 avec IO, ne montrant aucune différence de diversité  $\alpha$  entre microbiotes selon les modes de prélèvements (P=0,42 et P=0,96). En ce qui concerne la diversité  $\beta$  basée sur la distance de Bray-Curtis, les structures des communautés sont similaires entre IO et RC (P=0,36). En conclusion, l'activité et la structure du microbiote dans les fermenteurs inoculés avec IO et CR sont similaires et le prélèvement par IO est une alternative satisfaisante sur le plan de la fiabilité des résultats, au prélèvement par CR.

Tableau : Profil en AGCC dans les inocula, quantités d'hexoses fermentés (HF) et faciès fermentaire dans les fermenteurs aux jours 6 et 7

	CR	IO	ETR	P
<b>AGCC dans les inocula Total</b>				
(mM)	46.9	33.4	6.84	0.008
Acétate, C2 (%)	71.3	70.8	0.92	0.73
Propionate, C3 (%)	19.9	20.1	1.12	0.79
Butyrate, C4 (%)	8.7	9.1	1.39	0.99
<b>HF (mmol/J)</b>	4.52	4.54	0.333	0.57
<b>Productions spécifiques</b>	<b>l/100mol HF)</b>			
<b>(mo C2</b>	115.7	116.7	3.41	0.45

C3	41.6	41.2	2.15	0.70
C4	21.4	21.1	1.88	0.64
CH <sub>4</sub>	55.5	55.5	0.98	0.98

---

#### **Références bibliographiques :**

Berthelot V., H. Albarello, L.P. Broudiscou, 2019. Effect of extruded linseed supplementation, grain source and pH on dietary and microbial fatty acid outflows in continuous cultures of rumen microorganisms. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 249: 76-87.

Broudiscou L.P., A. Quinsac, V. Berthelot, P. Carré, S. Dauguet, C. Peyronnet, 2023. Differential effects of rapeseed, sunflower and linseed oils on rumen microbial functions in dual effluent fermenters on maize silage-based diet. *OCL*, 30.

**Mots-clés :** In vitro, rumen, inocula

## Quels dispositifs alternatifs aux canules permanentes pour établir des recommandations en vitamines, minéraux et acides aminés des ruminants ?

**Auteur – Orateur :** Lemosquet, Sophie

**Unité :** 1348 PEGASE (mettre vos unités)

### Liste complète des auteurs :

Lemosquet, S., Boudon, A., Lollivier, V., Chauvin, A., Lambertson, P., UMR PEGASE  
Chavinskaia, L., LISIS, Fournier, F., UE Herbipôle, Graulet, B., Nozière, P., UMRH

### Grand Objectif scientifique :

GOS 1 – Priorité 3

### Résumé

Les ruminants valorisent des ressources fourragères cultivées sur des surfaces inadaptées aux cultures humaines grâce à la fermentation microbienne dans leur rumen. Mais la digestion microbienne rend difficile l'estimation des nutriments absorbés sans utiliser des animaux équipés de canules digestives. L'amélioration des connaissances des besoins en vitamines, minéraux et acides aminés (AA) des ruminants pour la qualité de leurs produits (lait, viande), leur santé, et la réduction de l'impact environnemental de leur alimentation nécessite encore ces dispositifs. Le projet Alterfi financé par le département Phase a permis de tester 3 dispositifs implantables de manière provisoire (3 à 6 mois) visant à remplacer les canules permanentes du rumen et de l'intestin. Les alternatives consistaient en : (i) une mini-canule du rumen amovible (testée sur 4 vaches) pour mesurer le pH et les métabolites produits dans le rumen ou perfuser des nutriments, (ii) un cathéter amovible placé dans la caillette (testé sur 3 vaches) pour délivrer les nutriments dans l'intestin, et enfin, (iii) une canule duodénale, mesurant les flux intestinaux de nutriments, préalablement implantée dont on a testé le retrait (sur 5 vaches). Une anesthésie locale et une analgésie multimodale étaient pratiquées à la pose et au retrait. Tous les systèmes se sont révélés fonctionnels et ont permis d'obtenir des mesures de bonne qualité.

L'anesthésie locale et la réduction de la taille de l'incision permettent une récupération plus rapide des animaux lors de la pose des mini-canules ou des cathéters comparativement à la pose des canules permanentes. Une augmentation de l'haptoglobine, protéine de l'inflammation, et un pic de cortisol, 3 h après le début de la chirurgie, ont néanmoins été mesurés dans le plasma lors de la pose mais pas lors du retrait des 3 dispositifs. Aucun pic de cortisol n'a été observé le lendemain de la pose, contrairement au lendemain de la pose des canules permanentes où l'augmentation de cortisol combinée à d'autres paramètres, était interprétée comme indiquant une douleur résiduelle (Durand et al., 2021). La cicatrisation après le retrait des mini-canules du rumen est longue (3 mois) comparée à la cicatrisation après retrait de la canule duodénale (2 semaines) et des cathéters (quelques jours), mais ne semble pas perturber les animaux. La perception du bien-être animal et l'acceptabilité de ces nouvelles méthodes, au regard des canulations permanentes telles que pratiquées par le passé, est en cours d'analyse au travers d'un questionnaire associé à des entretiens collectifs menés avec l'aide d'une sociologue auprès des membres impliqués dans cette tâche du projet Alterfi, mais qui montrent déjà une diversité des ressentis.

En conclusion, comparés aux canulations permanentes, ces dispositifs offrent des résultats techniques satisfaisants mais dans un domaine d'application plus restreint, et apportent un léger raffinement expérimental. Ils sont indispensables pour pouvoir formuler des recommandations nutritionnelles pour les ruminants dans un contexte de sobriété alimentaire, et pour développer des biomarqueurs sanguins de l'absorption (en cours pour les vitamines et qui restent à établir pour les acides aminés et les minéraux) dans l'objectif de réduire encore l'utilisation de ces dispositifs.

### Références bibliographiques :

Durand, D., M. Faure, P. Lambertson, S. Lemosquet, and A.D. des Roches. 2021. A multiparametric approach to assessing residual pain experienced by dairy cows undergoing digestive tract surgery under multimodal analgesia. *Animal* 15. doi:100338 10.1016/j.animal.2021.100338.

**Mots-clés :** raffinement expérimental, digestion, nutrition, ruminants

# Identification de facteurs clés pour l'amélioration de la pluripotence et la génération de chimères chez le Lapin

**Auteur – Orateur :** Nathalie Beaujean

**Unité :** USC 1361, SBRI

**Liste complète des auteurs :** F Perold<sup>1</sup>, H-T Pham<sup>1</sup>, Y Pijoff<sup>1</sup>, S Rival-Gervier<sup>1</sup>, L Jouneau<sup>2</sup>, B Pain<sup>1</sup>, V Duranthon<sup>2</sup>, M Afanassieff<sup>1</sup>, P Savatier<sup>1</sup>, N Beaujean<sup>1</sup>

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 1 – Priorité 3

## Résumé :

Les cellules souches pluripotentes induites (iPSC) ouvrent la voie au développement de modèles cellulaires *in vitro* tels que les organoïdes, offrant des alternatives aux interventions expérimentales invasives en médecine vétérinaire et en production animale. Cependant, l'efficacité d'obtention des iPSC reste faible, surtout pour les espèces d'intérêt agronomique. De plus, les iPSC générées sont souvent dans un état "amorcé" (pluripotence restreinte) plutôt que "naïf" (pluripotence totale), ce qui limite leur potentiel.

Après avoir analysé l'ensemble des gènes exprimés dans les embryons de lapin à des stades de développement très précoces, nous avons pu identifier de nouveaux marqueurs de la pluripotence naïve (Bouchereau et al. 2022). A partir de ces résultats, nous avons effectué une analyse non biaisée d'une bibliothèque d'ADNc codant pour 36 facteurs de pluripotence et avons identifié KLF2, ERAS et PRMT6 comme des facteurs clés. La surexpression de ces facteurs dans des iPSC de lapin favorise leur auto-renouvellement avec des caractéristiques de cellules souches pluripotentes. Les cellules ainsi reprogrammées présentent des caractéristiques transcriptomiques et épigénétiques de pluripotence "naïve", y compris la réactivation du deuxième chromosome X et l'activation des gènes liés au métabolisme des acides aminés et à la signalisation NF-kB et p53.

L'évaluation fonctionnelle de ces nouvelles cellules iPSC, par injection dans des embryons précoces de lapin, a permis d'obtenir des foetus chimériques qui possèdent des cellules avec des patrimoines génétiques différents (provenant de l'embryon ou des iPSC) et ce, dans tous les organes principaux du foetus. Le développement jusqu'à terme, avec la naissance de lapereaux chimériques viables et en bonne santé, confirme que ces nouvelles iPSC ont un potentiel *in vivo* de pluripotence "naïve", c'est-à-dire un état primitif et non différencié capable de se transformer en n'importe quelle cellule de l'organisme.

Cette découverte représente une avancée majeure depuis la création des premières cellules iPSC de lapin il y a une dizaine d'années (Osteil et al. 2013, Afanassieff et al. 2016) et ouvre la voie à de multiples applications : développement de modèles *in vitro* et *in vivo*, études de toxicologie, etc., et avec également une possibilité de transfert vers d'autres espèces.

## Références bibliographiques :

Bouchereau W, Jouneau L, Archilla C, Aksoy I, Moulin A, Daniel N, Peynot N, Calderari S, Joly T, Godet M, Jaszczyszyn Y, Pralong M, Severac D, Savatier P, Duranthon V, Afanassieff M, Beaujean N. [Major transcriptomic, epigenetic and metabolic changes underlie the pluripotency continuum in rabbit preimplantation embryos.](#) Development. 2022 Sep 1;149(17):dev200538. doi: 10.1242/dev.200538.

Osteil P, Tapponnier Y, Markossian S, Godet M, Schmaltz-Panneau B, Jouneau L, Cabau C, Joly T, Blachère T, Gócza E, Bernat A, Yerle M, Acloque H, Hidot S, Bosze Z, Duranthon V, Savatier P, Afanassieff M. [Induced pluripotent stem cells derived from rabbits exhibit some characteristics of naïve pluripotency.](#) Biol Open. 2013 May 10;2(6):613-28. doi: 10.1242/bio.20134242.

Afanassieff M, Tapponnier Y, Savatier P. [Generation of Induced Pluripotent Stem Cells in Rabbits.](#) Methods Mol Biol. 2016;1357:149-72. doi: 10.1007/7651\_2014\_140.

**Mots-clés :** cellules souches, reprogrammation, modèles animaux, organoïdes, lapin



## De nouvelles lignées de cellules souches pluripotentes de Canard peuvent répliquer efficacement des virus Influenza aviaires.

**Auteur – Orateur :** Sylvie Rival-Gervier

**Unité :** USC1361

### Liste complète des auteurs :

**Sylvie Rival-Gervier**<sup>1</sup>, Pablo Borredat-Diaz<sup>1</sup>, Guillaume Montillet<sup>1</sup>, Charlotte Lucas-Foret<sup>2</sup>, Sylvie Fiorini<sup>3</sup>, ChristianJean<sup>1</sup>, Clémence Kress<sup>1</sup>, Jean-Luc Guérin<sup>2</sup>, Michèle Ottmann<sup>3</sup> and Bertrand Pain<sup>1</sup>

1) Univ Lyon, Université Claude Bernard Lyon1, INSERM U1208, INRAE USC1361, SBRI, Stem Cell and Brain Research Institute, Bron, France. 2) Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse, Université de Toulouse, ENVT, INRAE, IHAP, UMR 1225, 31300 Toulouse, France 3) CIRI, Université de Lyon, Université Claude Bernard Lyon1, INSERM, U1111, CNRS, UMR 5308, ENS de Lyon, France. Email: Sylvie.gervier@inserm.fr

### Grand Objectif scientifique :

GOS 1 – Priorité 3

**Résumé :** Des efforts considérables ont été déployés pour obtenir des cellules souches pluripotentes (PSCs) à partir de diverses espèces. Développer ces cellules capables d'auto-renouvellement et de différenciation chez les espèces aviaires présente un double intérêt : 1) fondamental, pour étudier le développement précoce ; 2) biotechnologique, pour répliquer des virus et produire des vaccins sans utiliser des œufs embryonnés. Ces PSC peuvent être dérivées directement d'embryons ou obtenues en reprogrammant des cellules somatiques en PSCs induites. Jusqu'à présent, seules des lignées de cellules souches embryonnaires (ESC) de poulet et une lignée propriétaire d'ESC de canard ont été établies, toutes en présence de sérum.

Dans l'effort d'obtenir de nouvelles lignées aviaires, nous avons rapporté l'établissement de cellules reprogrammées de poulet et de Canard (Fuet et al, 2018). Aujourd'hui, nous montrons la dérivation de nouvelles lignées de PSCs de canard à partir d'embryons non incubés de canard Pékin dans des milieux chimiquement définis. Différents isolats indépendants peuvent être maintenus en culture à long terme tout en conservant une signature transcriptionnelle proche de celle de l'embryon initial, telle que la transcription des gènes de pluripotence, la présence de marqueurs physiologiques des PSCs et la plasticité cellulaire. Ces populations partagent la plupart des caractéristiques attendues des PSC et peuvent donc fournir une base pour analyser les mécanismes de maintien de la pluripotence chez les espèces aviaires en les comparant avec les PSCs de poulet existantes. Nous avons ensuite cherché à évaluer leur capacité à répliquer des virus. Pour des questions de sécurité et de pharmacopée, le niveau d'expression des éléments rétroviraux endogènes (ERV) a d'abord été vérifié. Les ERV, généralement silencieux dans la plupart des types cellulaires, peuvent être réactivés dans les cellules pluripotentes notamment celles de poulet. Nous avons démontré que les PSCs de canard présentent une activité de transcription inverse bien inférieure à leurs homologues de poulet et pourraient donc être considérées comme de nouveaux substrats précieux pour les études virales. Pour évaluer la permissivité de ces deux types de PSCs aux virus Influenza, les cellules ont été infectées avec 6 virus grippaux différents. Nous avons démontré que les PSC de canard, mais pas les fibroblastes embryonnaires de canard, peuvent répliquer aussi efficacement les virus influenza aviaires que celles de poulet et d'autres lignées cellulaires de référence. Ainsi, les propriétés de ces nouvelles lignées de PSCs de canard (culture à long terme, permissivité envers les virus de la grippe aviaire et faible activité rétrovirale) font de ces cellules un substrat parfait pour évaluer de nouveaux isolats de grippe sur le terrain ainsi que pour produire des vaccins sous de meilleures conditions de sécurité qu'avec des embryons de poulet et sans avoir recours à l'utilisation d'animaux.

### Références bibliographiques :

Aurélié Fuet, Guillaume Montillet, Christian Jean, Pauline Aubel, Clémence Kress, Sylvie Rival-Gervier, Bertrand Pain (2018-11). NANOG Is Required for the Long-Term Establishment of Avian Somatic Reprogrammed Cells. *Current Stem Cell Reports*, 11 1272-1286, <https://dx.doi.org/10.1016%2Fj.stemcr.2018.09.005> , <https://hal.inrae.fr/hal-02921554>

**Mots-clés :** Canard, Pluripotence, Plasticité, Influenza, Virus

## Comment et pourquoi collaborer avec les SHS dans les projets en physiologie animale ? Retour sur expérience du projet AlterFi

**Auteur – Orateur :** Pierre Nozière et Lidia Chavinskaia

**Unité :** UMRH et LISIS

**Liste complète des auteurs :** Lidia Chavinskaia (LISIS), Pierre Nozière (UMRH), Mathieu Silberberg (UMRH), Anne Boudon (PEGASE), Sophie Lemosquet (PEGASE), Vanessa Lollivier (PEGASE)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 1 – Priorité 3

### Résumé :

Le projet AlterFi porté depuis 2020 par un consortium de partenaires public (INRAE, département Phase) et privés (13 entreprises ou instituts de l'alimentation animale) vise à mettre en place et de valider des méthodes alternatives au dispositif de la canule permanente chez les ruminants. Il répond à la décision de la direction de l'INRAE d'arrêter en 2025 l'utilisation de ce dispositif compte tenu des contestations sociales croissantes. Il s'inscrit donc dans une approche systémique de la production des connaissances sur la physiologie digestive des ruminants et de l'amélioration du bien-être animal (BEA) tout en posant la question de l'acceptabilité des méthodes par le « grand public ». Ainsi, envisager une évaluation sociologique de la démarche expérimentale alternative se présente comme une évidence pour ce type de projet. Une collaboration avec une sociologue a donc été incluse dans le projet (WP2.4) et a débuté en octobre 2022 pour deux ans.

Dans cette communication, nous vous proposons un retour sur expérience de cette collaboration mise en perspective d'expériences similaires (Demeulenaere 2022 ; Ducrot et al. 2021 ; Chavinskaia 2020). Premièrement, un ajustement des objectifs et des approches est nécessaire. La notion d'acceptabilité sociétale a notamment été au centre de l'ajustement avec la perspective offerte par les travaux en sociologie des sciences et des techniques. La méthode de travail qualitative issue de la sociologie (entretiens approfondis individuels et collectifs) a été intégrée au côté des approches quantitatives plus habituelles aux physiologistes. Deuxièmement, en prenant en compte ces ajustements, des actions communes ont été réalisées : (i) une enquête combinant un questionnaire et des entretiens collectifs avec les participants de la tâche 2.3 (cf. Lemosquet et al.) et (ii) une autoévaluation éthique générale du projet en lien avec le Comité d'éthique des projets d'INRAE. Ces actions ont révélé une grande diversité de visions des acteurs impliqués. Partagée lors des échanges collectifs, cette diversité devient un levier dans la construction et le choix des méthodes alternatives.

Nous faisons également un bilan critique de cette collaboration permettant d'envisager des perspectives pour de telles collaborations en accentuant l'interdisciplinarité et le processus participatif de construction des innovations.

Cette expérience est utile à partager pour plusieurs raisons :

- l'interdisciplinarité, et les collaborations avec les SHS en particulier, devient de plus en plus fréquemment requise dans le cadre des différents appels à projets (Métaprogrammes INRAE (n.s.) ; ANR 2022, Bourguignon 2019);
- Mais les chercheurs manquent d'outils, d'informations, de contacts et de compréhension de la démarche (comme en témoignent plusieurs scientifiques lors des entretiens).
- Le dialogue science-société est nécessaire notamment en sciences animales au regard des évolutions sociétales sur la cause animale (Carrié, Doré et Michalon 2023)

### Références bibliographiques :

Carrié, F., Doré, A. et Michalon J. (2023) *Sociologie de la cause animale*. La découverte.

Demeulenaere, E. (2022) Trois expériences et un enseignement. De quelques inconforts de la recherche interdisciplinaire et participative autour d'enjeux de biodiversité. *Tracés: Revue de Sciences Humaines. L'interdisciplinarité " en effet " : sciences sociales, sciences naturelles*, #22, pp.97-116.

Ducrot, C. et Bres, D. (2013) Regard philosophique sur la causalité en épidémiologie – approche interdisciplinaire. *INRA Prod. Anim.*, 26 (4), 375-382.

Ducrot, C., Barrio, M., Boissy, A., Casabianca, F., Pinard-van der Laan, M. & Maillat, I. (2021). Comment faciliter la construction et la conduite des projets interdisciplinaires : retour d'expérience d'un programme de recherche sur la gestion intégrée de la santé des animaux en élevage. *Natures Sciences Sociétés*, 29, 213-222. <https://doi.org/10.1051/nss/2021035>

Bourguignon, J.-P. (2019) Supporting Interdisciplinarity, a Challenging Obligation. Speech at NOVA Science Day 2019, Lisbon, Portugal. URL: <https://erc.europa.eu/news/supporting-interdisciplinarity-challenging-obligation>.

ANR (2022) L'ANR soutient la recherche dans sa diversité. Rapport d'activité 2022. URL : <https://anr.fr/fileadmin/documents/2023/ANR-Rapport-activite-2022.pdf>.

INRAE (n.s.) Métaprogrammes. URL : <https://www.inrae.fr/nous-connaître/metaprogrammes>

**Mots-clés :** Interdisciplinarité, collaboration scientifique, SHS, sciences animales, expérimentation animale, cause animale

## Recherches d'alternatives à l'utilisation des ruminants fistulés (Alterfi)

**Auteur – Orateur :** Pierre Nozière

**Unité :** UMR Herbivores 1213

**Liste complète des auteurs :**

B. Graulet, D. Macheboeuf, G. Maxin, V. Niderkorn, M. Silberberg (UMR Herbivores), A. Boudon, R. Delagarde, S. Lemosquet (UMR Pegase)

S. Campredon (Dpt Phase)

E. Forano (UMR Medis, Dpt MICA)

L. Chavinskaia (UMR Lisis, Dpt ECOSOCIO)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 1 – Priorité 3

**Résumé :**

Le projet Alterfi (2020-2025), soutenu par le département Phase et 12 partenaires privés, vise à mettre au point et évaluer des alternatives aux ruminants porteurs de canules digestives permanentes. Ce résumé global complète 3 communications ciblées sur les tâches 1.1, 2.3, et 2.4 du projet, et présente les différentes actions menées.

1.1. (cf Maxin et al) Des méthodes enzymatiques sans jus de rumen pour évaluer la dégradabilité ruminale des aliments ont été développées. La méthode « protéines » finalisée est en cours de validation dans les laboratoires partenaires (ring test) ; la méthode « amidon » est en cours de finalisation.

1.2. Une méthode d'analyse de sensibilité du module de rationnement des vaches laitières (INRAtion®V5) aux incertitudes sur la valeur des aliments a été développée. La sécrétion de protéines dans le lait est moins sensible que les rejets azotés aux incertitudes sur la dégradabilité ruminale, mais elle est plus sensible avec les régimes les moins riches en protéines (Jeon et al., 2024a ; 2024b).

2.1. Le prélèvement de jus de rumen par sonde œsophagienne (PSO) permet de quantifier les fortes variations de pH, d'acides gras volatiles (AGV) et d'ammoniac (NH<sub>3</sub>), et permet d'inoculer des fermenteurs : par rapport à l'inoculum prélevé par la canule, les profils microbiens et le classement des substrats sur l'essentiel des paramètres fermentaires sont similaires avec le PSO. La procédure doit être standardisée pour limiter la contamination salivaire (Boudon et al., 2024). Un essai d'apprentissage des animaux pour limiter le caractère invasif du PSO est prévu.

2.2. Les modalités optimales de congélation/décongélation du contenu ruminal pour inoculer des fermenteurs ont été déterminées. Plus la durée de conservation est longue, plus le profil microbien s'écarte de celui obtenu avec le contenu frais. Jusqu'à 6 mois, il n'y a pas de modification du classement des substrats sur l'essentiel des paramètres fermentaires, mais la non survie des protozoaires modifie la méthanogenèse et la synthèse microbienne (absence de prédation).

2.3. (cf Lemosquet et al) Des dispositifs de mini-canules et de cathéters temporaires, pour perfuser ou prélever en cinétique lors d'études de nutrition, ont été mis en place sur des vaches. Les résultats techniques ainsi que l'évaluation de la douleur des animaux sont satisfaisants.

2.4. (cf Chavinskaia et al) Une étude sociologique a été conduite pour comprendre comment les méthodes alternatives sont co-construites avec les acteurs qui influent directement ou indirectement sur le processus d'innovation.

3. Des marqueurs biologiques qui pourraient permettre d'évaluer le transit par prélèvements fécaux ont été identifiés. L'essai *in vivo* a été conduit et les analyses sont en cours.

A ce stade, les alternatives identifiées pour mesurer la dégradabilité des aliments, accéder ponctuellement au contenu digestif (perfusions, prélèvements, analyse du microbiote), ou inoculer des fermenteurs, semblent techniquement globalement satisfaisantes, mais perfectibles et pas totalement substituables aux fonctionnalités offertes par les canules permanentes.

**Références bibliographiques :**

Jeon, S., Lemosquet, S. Toulemonde, A.C., Senga Kiessé, T., Nozière, P., 2024a. Sensitivity analysis of the INRA 2018 feeding system for ruminants by a one-at-a-time approach: Effects of dietary input variables on predictions of multiple responses of dairy cattle. *J. Dairy Sci.* doi.org/10.3168/jds.2023-24361

Jeon, S., Senga Kiessé, T., Lemosquet, S., Nozière, P., 2024b. Sensitivity analysis of the INRA 2018 feeding system for ruminant by hybrid local and global approaches: Comparing the impact of dietary input variables on multiple response predictions in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* submitted 14/06/2024

Boudon, A., Kwiatkowski, D., Niderkorn, V., Forano, E., Nozière, P., Silberberg, M., 2024. Oral stomach sampling to replace rumen fistulated animals in ruminant nutrition's research - a case study. *Animal*, to be submitted.

**Mots-clés :** alimentation ; expérimentation animale ; in vitro ; sociologie ; 3R



## Méthodes *in vitro* pour estimer la dégradation ruminale des protéines et de l'amidon des aliments des ruminants

**Auteur – Orateur :** Gaëlle MAXIN

**Unité :** UMRH – UMR 1213 Herbivores

**Liste complète des auteurs :** Aline Le Morvan (UMRH), Maria Arias Benavides (UMRH), Camille Dondeyne (UMRH), Yasmine Radouani (UMRH), Pierre Nozière (UMRH), Philippe Lambertson (UMR Pegase) et Rémy Delagarde (UMR Pegase)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 1 – Priorité 3

### Résumé :

Connaître la valeur alimentaire des aliments des ruminants permet d'optimiser les rations des animaux en cohérence avec les objectifs fixés par l'éleveur. Depuis plus de 30 ans, la méthode de référence pour quantifier la valeur protéique des aliments pour les ruminants consiste à suivre la dégradation de ces aliments incubés *in sacco* (dans des sachets) dans le rumen, puis dans l'intestin, en utilisant des ruminants fistulés (munis de canules digestives). La méthode *in sacco* est également utilisée dans le système d'alimentation INRA (2018) pour caractériser la valeur basale d'encombrement des aliments concentrés afin de prévoir l'ingestion des animaux, et la dégradation ruminale de l'amidon. L'arrêt du recours aux animaux fistulés en 2025 à INRAE interdira de fait toute nouvelle mesure *in sacco* : il était donc indispensable de trouver des alternatives aux mesures *in sacco* pour estimer la valeur des aliments.

Une méthode enzymatique de laboratoire permettant d'estimer la dégradation ruminale des protéines existait, mais pour certains aliments concentrés uniquement (Aufrère et al., 1988), et il n'en existait pas pour les fourrages. L'objectif de ce travail réalisé dans le cadre du consortium Alterfi « ALTERnatives aux animaux Fistulés » était de mettre au point et évaluer des méthodes *in vitro* et sans aucun recours au jus de rumen pour déterminer la dégradation ruminale des protéines et de l'amidon de tous les aliments (fourrages et concentrés).

Différentes méthodes et conditions ont été testées. Au final, des méthodes utilisant des enzymes commerciales ont été retenues pour estimer la dégradation de l'azote et de l'amidon. Pour la dégradation des protéines, la méthode consiste à incuber des échantillons d'aliment séchés et broyés à 40°C dans une solution tampon à pH 8 avec la protéase *Streptomyces griseus* pendant 6 h pour les concentrés et 48 h pour les fourrages. Pour la dégradation de l'amidon, les aliments sont incubés avec une solution d'alpha-amylase *Bacillus sp.* à pH 6 et 60°C pendant 1 h. Les valeurs de dégradation enzymatique obtenues avec ces méthodes ont été comparées aux valeurs de dégradation mesurées par la méthode *in sacco*.

Pour la dégradation des protéines, les premiers résultats montrent une bonne corrélation entre les méthodes enzymatique et *in sacco* :  $R^2 = 0,71$  et ETR = 7,5 points pour 50 concentrés testés et  $R^2 = 0,67$  et ETR = 6,4 points pour 32 fourrages testés. Pour la dégradation de l'amidon, la corrélation obtenue avec 24 concentrés est de  $R^2 = 0,65$  et ETR = 6,3 points, mais elle n'est actuellement pas satisfaisante pour les ensilages de maïs ( $R^2 = 0,17$ ). Les méthodes « protéines » sont actuellement en cours de validation avec des laboratoires partenaires du projet Alterfi, pour s'assurer qu'elles sont bien adaptées à tous les types d'aliments. Des tests sont toujours en cours pour améliorer la méthode « amidon », en particulier pour les ensilages de maïs. L'étape suivante du travail consistera à adapter le système INRAE de prévision de la valeur des aliments en se basant sur les valeurs obtenues par ces méthodes *in vitro*.

### Références bibliographiques :

Aufrère, J., Cartailier, D. (1988). Mise au point d'une méthode de laboratoire de prévision de la dégradabilité des protéines alimentaires des aliments concentrés dans le rumen. Annales de zootechnie, Vol. 37, No. 4, pp. 255-270  
INRAE, 2018. Alimentation des ruminants. INRA, Paris

**Mots-clés :** dégradation ruminale, méthodes *in vitro*, protéines, amidon

## Quelles conséquences d'un enrichissement de l'environnement néonatal des poussins sur les performances, le microbiote intestinal et la santé des poulets ?

**Auteur – Orateur :** Laurence Guilloteau et Sylvie Combes

**Unité :** 085 BOA

### Liste complète des auteurs :

Laurence A. Guilloteau (BOA), Sylvie Combes (GenPhySE), Aline Bertin (PRC), Sabine Crochet (BOA), Alice Hondelatte (EASM), Gwénohah Annonay (GeT-PlaGe, Genotoul), Charlotte Bagnard (EASM), Laure Ravon (EASM), Karine Germain (EASM), Nathalie Couroussé (BOA), Estelle Cailleau-Audouin (BOA), Claire Bonnefous (BOA), Catherine Schouler (ISP), Anne Collin (BOA)

### Grand Objectif scientifique :

GOS 2 – Priorité 1

### Résumé :

L'enrichissement du milieu de vie par l'éclosion à la ferme et/ou la présence d'une poule adulte pourraient avoir un effet bénéfique sur la santé des poussins et contribuer à la limitation de l'utilisation d'antibiotiques en élevage. Pour valider cette hypothèse, nous avons analysé les bénéfices/risques d'un système d'éclosion en bâtiment d'élevage ou au couvoir, en présence ou non d'une poule adulte, ainsi que d'un traitement antibiotique après éclosion au couvoir. L'impact de ces conditions de démarrage a été évalué sur l'éclosabilité, le score de qualité des poussins, les performances zootechniques, le microbiote caecal et des paramètres de l'immunité des poulets. Les poulets ont été exposés à J27 post éclosion à des conditions d'élevage sub-optimales (transport, température plus fraîche et densité plus élevée) et vaccinés (Gumboro) pour tester leur robustesse. L'acceptation des poussins par les poules était très variable mais sans interaction avec les conditions d'éclosion. Le poids des poussins était plus élevé lors d'une éclosion en bâtiment comparativement à une éclosion au couvoir (+3,9%, n = 284). La présence de poules a diminué le taux d'éclosion (-11,36%, n = 288) et augmenté la mortalité post éclosion (+5,6%, n = 432). A l'âge d'abattage (J56), la présence de poules pendant la période de démarrage des poussins a diminué le poids des mâles éclos au couvoir (-5,07%, n = 141) alors qu'elle a augmenté le poids des femelles écloses en bâtiment (+3,02%, n = 128). A J20, le contact d'une poule dès l'éclosion a favorisé la maturation du microbiote caecal des poussins mâles et augmenté l'abondance relative de nombreux genres dont *Bacteroides*, *Prevotellaceae*, *Mucispirillum*, *Desulfovibrio* et *Succinatimonas*. A l'inverse le traitement antibiotique a altéré la structure du microbiote et réduit la diversité avec l'installation d'une dominance du groupe *Escherichia-Shigella*. Le contact avec une poule à l'éclosion a diminué la concentration des IgA caecales des poulets éclos en bâtiment alors qu'elle a augmenté chez les poulets éclos au couvoir et traités par antibiotiques. A J56, la composition du microbiote ainsi que la concentration des IgA caecaux étaient similaires entre les groupes de poulets. En conclusion, cette étude montre qu'un système d'éclosion en bâtiment est au moins équivalent au système d'éclosion en couvoir en termes de qualité des poussins et de performance. La présence d'une poule à l'éclosion pendant la phase de démarrage des poussins i) a interagit avec les conditions d'éclosion et le sexe des poulets avec des conséquences différentes sur les performances, ii) a eu un fort impact sur la composition du microbiote et la production d'IgA caecaux suggérant une maturation plus précoce du microbiote des poulets. Toutefois les effets différents de la présence d'une poule pendant la période néonatale selon le sexe des poussins requiert de mieux comprendre les interactions entre adultes et jeunes, y compris *in ovo*, et les déterminants de leur capacité à partager un espace commun. Etude financée par le réseau RIMEL, Département INRAE PHASE

### Références bibliographiques :

Principes, cadre d'analyse et leviers d'action à l'échelle de l'élevage pour une gestion intégrée de la santé chez les animaux monogastriques. Fortun-Lamothe L., Collin A., Combes S., Ferchaud S., Germain K., et al.. INRAE Productions Animales 35, 307-326 (2022). [10.20870/productions-animales.2022.35.4.7225](https://doi.org/10.20870/productions-animales.2022.35.4.7225).

On-farm hatching and contact with adult hen posthatch induce sex-dependent effects on performance and health in broiler chickens. Guilloteau L.A., Bertin A., Crochet S., Bagnard C., Hondelatte A., Ravon L., Schouler C., Germain K., Collin A. XI

European Symposium on Poultry Welfare (26-29/06/2024), Prague, République Tchèque

On-farm hatching and contact with adult hen post hatch induce sex-dependent effects on performance, health and robustness in broiler chickens. Guilloteau L.A., Bertin A., Crochet S., Bagnard C., Hondelatte A., Ravon L., Schouler C., Germain K., Collin A. 10.24072/pcjournal.382 - Peer Community Journal, Volume 4 (2024), article no. e20.

Contact with an adult hen after hatching promotes maturation of the chick caecal microbiota and has a greater effect than hatching systems. Sylvie Combes, Alice Hondelatte, Gwénolah Annonay, Charlotte Bagnard, Laure Ravon, Karine Germain, Nathalie Couroussé, Estelle Cailleau-Audouin, Claire Bonnefous, Anne Collin, Catherine Schouler, Laurence A. Guilloteau. XVI European Poultry Conference (24-28/06/2024), Valencia, Espagne

**Mots-clés** : éclosion à la ferme, démarrage avec poule, qualité poussin, performance, microbiote, IgA

# Rôle du facteur de transcription pionnier DUXC lors du développement embryonnaire précoce chez le bovin.

**Auteur – Orateur :** Amélie Bonnet-Garnier - [amelie.bonnet-garnier@inrae.fr](mailto:amelie.bonnet-garnier@inrae.fr)

**Unité :** UMR 1198 BREED

## Liste complète des auteurs :

Michelle M. Halstead<sup>1,2</sup>, Olivier Dubois<sup>1</sup>, Soahary Jean-Rene<sup>1</sup>, Cécile Burette<sup>1</sup>, Elodie Poumerol<sup>1</sup>, Martine Letheule<sup>1</sup>, Alice Jouneau<sup>1</sup> et **Amélie Bonnet-Garnier<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Université Paris-Saclay, Université de Versailles Saint-Quentin-en-Yvelines, INRAE, BREED, Jouy-en-Josas, France

<sup>2</sup>Aleksandar Rajkovic Laboratory, University of California San Fransisco, CA 94143

## Grand Objectif scientifique :

GOS 2 – Priorité 1

## Résumé

On ne sait toujours pas quels facteurs - maternels ou embryonnaires - sont responsables de la reprogrammation de l'épigénome des mammifères après la fécondation. Récemment, on a découvert que la surexpression des facteurs DUX (double homeobox) induisait un état de totipotence dans les cellules souches humaines et murines<sup>1,2</sup>. En effet, la transcription de DUX est activée au stade 1-cellule (1C), ce qui suggère qu'il pourrait être un régulateur précoce de l'activation du génome embryonnaire (EGA). Cependant, la question de savoir si DUX est essentiel au développement reste ouverte, étant donné que des études de knock-out chez la souris ont révélé des effets variables sur l'EGA et la formation des blastocystes<sup>3</sup>. En outre, la fonction de DUX dans les embryons n'a pas encore été établie chez d'autres mammifères comme le bovin. Nous avons dans un premier temps démontré la présence de transcrits dès le stade 1C chez le bovin (ce qui est similaire à ce qui a été décrit chez l'homme) ainsi que la présence de protéine DUXC (stade 2C à 8C) bien avant la mise en route majeure du génome (entre le stade 8C et 16C chez le bovin). Afin d'étudier le rôle de ce facteur de transcription chez le bovin, nous avons établi des expériences de répression de l'expression de la protéine DUX dès le stade 1C par électroporation d'ARN interférant. Nous avons démontré que le transcrit et la protéine n'étaient plus présents au stade 8-Cellules mais aussi que le taux d'embryons capables d'attendre le stade blastocyste après RNAi était d'environ 4%. Chez les bovins, notre publication précédente<sup>4</sup> démontre que les régions qui gagnent en acétylation des histones au stade de 4 Cellules sont fortement enrichies en motifs de liaison de DUXC. Etant donné qu'en cellules humaines, DUX4 (homologue humain de DUXC) interagit avec les histones acétyltransférases (HAT)<sup>5</sup>, cet enrichissement suggère que DUXC permet l'acétylation des histones à proximité de son site de fixation. Cette acétylation favorise l'ouverture de la chromatine et une meilleure accessibilité à la machinerie de transcription. Ces premiers résultats confortent l'hypothèse que chez le bovin, DUXC orchestrerait le remodelage de la chromatine qui accompagne l'EGA par le recrutement d'enzymes capable d'acétyler les histones. Nous chercherons maintenant (projet financé par l'ANR – PRME, REPRO2BOS, 2024-2028) par des approches fonctionnelles à la fois dans l'embryon et dans des modèles *in vitro* de cellules souches reprogrammées, à comprendre les interactions complexes entre ce facteur de transcription, l'ouverture de la chromatine et l'hyper-acétylation des histones. De plus, les enzymes qui contrôlent l'acétylation et la dé-acétylation des histones utilisant des substrats et co-facteurs impliqués dans le métabolisme cellulaire (Acetyl-CoA et NADH), le lien entre le métabolisme embryonnaire, la disponibilité de ces métabolites et le remodelage épigénétique de la chromatine seront aussi étudiés dans ce projet financé par l'ANR.

## Références bibliographiques :

1- Hendrickson, P. G. et al. Conserved roles of mouse DUX and human DUX4 in activating cleavage-stage genes and MERVL/HERVL retrotransposons. *Nat. Genet.* 49, 925–934 (2017).

2-De Iaco, A. et al. DUX-family transcription factors regulate zygotic genome activation in placental mammals. *Nat. Genet.* 49, 941–945 (2017).

3-Chen, Z. & Zhang, Y. Loss of DUX causes minor defects in zygotic genome activation and is compatible with mouse development. *Nat. Genet.* 51, 947–951 (2019).

4-Zhou, C., Halstead, M. M., Bonnet-Garnier, A., Schultz, R. M. & Ross, P. J. Resetting H3K4me3, H3K27ac, H3K9me3 and H3K27me3 during the maternal-to-zygotic transition and blastocyst lineage specification in bovine embryos. 2022.04.07.486777 Preprint at <https://doi.org/10.1101/2022.04.07.486777> (2022).

5-Choi, S. H. et al. DUX4 recruits p300/CBP through its C-terminus and induces global H3K27 acetylation changes. *Nucleic Acids Res.* 44, 5161–5173 (2016).

**Mots-clés :** Embryon, épigénétique, chromatine, bovin

# Recherche de biomarqueurs prédictifs de la réussite du transfert d'embryon chez la génisse (PRATEG)

**Auteur – Orateur :** Laurent Galio

**Unité :** UMR 1198 BREED

## Liste complète des auteurs :

Esmeralda Narain<sup>1</sup>, Alline De Paula Reis<sup>1,2</sup>, Florence Jaffrezic<sup>3</sup>, Pascal Salvetti<sup>4</sup>, Pascale Chavatte-Palmer<sup>1</sup>, Mariam Raliou<sup>1</sup>, Laurent Galio<sup>1</sup>

1- Université Paris-Saclay, UVSQ, INRAE, BREED, Jouy-en-Josas, France

2- Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, BREED, Maisons-Alfort, France

3- UMR GABI (GA)

4- Eliance

## Grand Objectif scientifique :

GOS 2 – Priorité 1

## Résumé :

Les biotechnologies de la reproduction et de l'embryon sont largement utilisées par les entreprises de sélection bovine mais, même lorsque la qualité de l'embryon transféré est optimale, les taux de gestation ne dépassent pas 60 à 65%. Afin d'augmenter ces taux de gestation, de multiples programmes de recherche s'intéressent à l'amélioration de la qualité des embryons produits mais n'abordent que très rarement l'évaluation de la qualité de la femelle receveuse. Or, il a été démontré que la gestation résulte d'interactions étroites et réciproques entre l'embryon et l'endomètre justifiant pleinement l'étude de la réceptivité utérine aux stades péri-implantatoires. Face à ce constat, un projet de recherche antérieur (RECEPT) financé par APIS-GENE, sur un faible effectif de génisses en ferme expérimentale, a permis l'identification de biomarqueurs périphériques circulants avant le transfert d'embryon, permettant de discriminer les femelles qui seront gestantes et non gestantes après transfert d'embryon. Il convient de poursuivre ces recherches pour aboutir à une meilleure qualification des femelles receveuses d'embryons en amont du transfert. Dans cet optique, le projet PRATEG, également financé par APIS-GENE, a pour objectif de valider des biomarqueurs circulants préalablement identifiés sur deux nouvelles cohortes d'échantillons biologiques (tâche 1), l'une en ferme expérimentale avec un nombre d'animaux plus important et l'autre tirant notamment profit de la mise en place d'un réseau de 300 femelles receveuses en fermes commerciales (CINEMORE). Le fait que la plupart des biomarqueurs candidats soient référencés pour moduler la réponse immunitaire nous amène à essayer de mieux comprendre les voies immunitaires impliquées dans la préparation d'un environnement maternel favorable à la gestation via une approche comparative entre les espèces bovine et humaine (tâche 2). Enfin, ce projet s'efforcera de développer des méthodes de dosage adaptées à une application de terrain allant jusqu'à la détermination de seuils diagnostiques permettant de maximiser les performances de prédiction (tâche 3). Les acquis du projet permettront, à plus long terme, de développer une méthode objective de phénotypage de la femelle receveuse d'embryons pour écarter les femelles qui ont très peu de chance de mener une gestation à terme. *In fine* et en lien avec les stratégies thérapeutiques existantes chez la femme, ce projet ouvrira des perspectives intéressantes pour le développement de stratégies thérapeutiques permettant de corriger la réceptivité des femelles ayant un profil immunologique suboptimal.

## Références bibliographiques :

EVs et fertilité chez la vache : Koh, Y. Q., Peiris, H. N., Vaswani, K., Meier, S., Burke, C. R., Macdonald, K. A., Roche, J. R., Almughlliq, F., Arachchige, B. J., Reed, S., & Mitchell, M. D. (2017). Characterization of exosomes from body fluids of dairy cows. *J Anim Sci*, 95(9), 3893-3904. <https://doi.org/10.2527/jas2017.1727>

Mitchell, M. D., Scholz-Romero, K., Reed, S., Peiris, H. N., Koh, Y. Q., Meier, S., Walker, C. G., Burke, C. R., Roche, J. R., Rice, G., & Salomon, C. (2016). Plasma exosome profiles from dairy cows with divergent fertility phenotypes. *J Dairy Sci*, 99(9), 7590-7601. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11060>

Cellules circulantes : Dickinson, S. E., Griffin, B. A., Elmore, M. F., Kriese-Anderson, L., Elmore, J. B., Dyce, P. W., Rodning, S. P., & Biase, F. H. (2018). Transcriptome profiles in peripheral white blood cells at the time of artificial insemination discriminate beef heifers with different fertility potential. *BMC Genomics*, 19(1), 129. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4505-4>

Mazzoni, G., Pedersen, H. S., Rabaglino, M. B., Hyttel, P., Callesen, H., & Kadarmideen, H. N. (2020). Characterization of the endometrial transcriptome in early diestrus influencing pregnancy status in dairy cattle after transfer of in vitro-produced embryos. *Physiol Genomics*, 52(7), 269-279. <https://doi.org/10.1152/physiolgenomics.00027.2020>

**Mots-clés :** Biomarqueur, réceptivité, tolérance, vésicules extracellulaires

## Utilisation des outils de modification du génome pour décrypter la génétique de la signalisation thyroïdienne *in vivo*

**Auteur – Orateur :** Denise Aubert

**Unité :** USC1370 IGFL

**Liste complète des auteurs :** Aubert Denise (IGFL), Suzy Markossian (IGFL), Romain Guyot (IGFL), Shijia Wu (IGFL) et Frédéric Flamant (IGFL)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 2 – Priorité 1

### Résumé :

Les hormones thyroïdiennes, dont la forme active est la triiodothyronine ou T3, interviennent pour réguler un grand nombre de processus physiologiques et développementaux. Leur action passe par des récepteurs nucléaires qui régulent la transcription de gènes en se fixant sur des séquences spécifiques du génome. A l'heure actuelle, le lien entre régulation de l'expression des gènes et fonction physiologique de T3 n'est pas clairement élucidé. En particulier, la spécificité cellulaire de la régulation transcriptionnelle via les récepteurs reste à comprendre. Les modèles murins génétiquement modifiés sont tout à fait adaptés pour appréhender de façon globale et multi échelle cette signalisation par T3. Grâce à différents modèles développés, en particulier utilisant l'édition génomique, nous avons pu établir le transcriptome cellule spécifique en condition normale ou pathologique, de différents tissus ou organes. Les modèles génétiques développés nous ont aussi permis d'établir par une méthode de ChIPSeq, une cartographie cellule spécifique des sites de fixation des récepteurs de l'hormone. Nous avons ainsi obtenu, grâce à ces 2 méthodes de transcriptomique et de cartographie génomique, des listes de gènes potentiellement cibles directes de T3 dans différents types cellulaires (1, 2, 3). Afin d'avancer dans la compréhension des régulations génétiques de base de la signalisation thyroïdienne, il convient de comprendre l'articulation entre les différents gènes identifiés comme cibles de T3, et en particulier, d'identifier clairement lesquels sont des cibles directes de l'hormone, en les distinguant des gènes dont la régulation est une conséquence directe ou indirecte de leur activation. Pour cela nous avons initié deux projets visant à perturber spécifiquement la régulation par T3 du gène *Hairless* (*Hr*), un gène cible connu. Pour le premier projet, nous avons créé un modèle murin génétiquement modifié chez lequel l'expression de *Hr* n'est plus régulée par T3. Pour le second, nous avons développé un outil génétique basé sur le système dCas9 (revue 4), que nous avons modifié pour qu'il permette, dans un contexte où les récepteurs de T3 sont inactifs, de conférer une régulation par T3 à la transcription d'un gène cible choisi. La réalisation de ces 2 projets nous permettra de lister, dans des cellules, tissus ou organes choisis, les gènes cibles secondaires de T3 dont les niveaux d'expression se trouveront modifiés en conséquence de la modification génétique de la régulation (inactivation ou activation) de *Hr*. L'ensemble des modèles que nous développons, en permettant de décrire *in vivo* et de façon cellule spécifique la régulation génétique médiée par l'hormone thyroïdienne, constituent des outils importants pour la compréhension du mécanisme d'action des hormones thyroïdiennes sur le développement et sur le maintien de l'homéostasie physiologique.

### Références bibliographiques :

- 1- Richard S, Guyot R, Rey-Millet M, Prieux M, Markossian S, Aubert D, Flamant F. A Pivotal Genetic Program Controlled by Thyroid Hormone during the Maturation of GABAergic Neurons. *iScience*. 2020. 23(3):100899.
- 2- Zekri Y, Guyot R, Suñer IG, Canaple L, Stein AG, Petit JV, Aubert D, Richard S, Flamant F, Gauthier K. Brown adipocytes local response to thyroid hormone is required for adaptive thermogenesis in adult male mice. *Elife*. 2022. 11:e81996.
- 3- Ren J, Markossian S, Guyot R, Aubert D, Li D, Cauli B, Riet F, Wong J, Flamant F, Richard S. Thyroid hormones maintain parvalbumin neuron functions in mouse neocortex. *Soumis Cell Reports*.
- 4- Cai R, Lv R, Shi X, Yang G, Jin J. CRISPR/dCas9 Tools: Epigenetic Mechanism and Application in Gene Transcriptional Regulation. *Int J Mol Sci*. 2023. 24(19):14865.

**Mots-clés :** Hormone thyroïdienne ; Récepteurs nucléaires ; Edition génomique ; CRISPR/Cas9.



# Optimisation du prime editing pour induire des modifications génétiques ciblées et prédéfinies *in ovo* chez la souris

**Auteur – Orateur :** Suzy Markossian

**Unité :** USC1370 IGFL

## Liste complète des auteurs :

Suzy Markossian, IGFL, INRAE USC1370, ENS de Lyon, CNRS UMR5242, UCBL1

Farida Henry, AniRA-PBES, SFR Biosciences, CNRS UAR3444, INSERM US8, ENS de Lyon, UCBL1

Marie As, TACGENE, CNRS UMR7196, INSERM U1154

Jean-Paul Concordet, TACGENE, CNRS UMR7196, INSERM U1154

Carine Giovannangeli, TACGENE, CNRS UMR7196, INSERM U1154

## Grand Objectif scientifique :

GOS 2 – Priorité 1

## Résumé :

La technologie CRISPR/Cas9 est un outil puissant d'édition du génome qui permet la réalisation de modifications génétiques ciblées. Applicable à de nombreuses espèces, elle facilite les recherches en génomique fonctionnelle. La version originale du système repose sur une coupure double brin ciblée du génome par la nucléase Cas9. Bien que permettant de générer des mutations prédéfinies, cette méthode produit le plus souvent des mutations aléatoires au niveau du site de coupure, et potentiellement des mutations hors cible.

Une méthode baptisée « prime editing » a été récemment développée pour dépasser ces limites. Elle permet la réalisation de mutations ponctuelles, et de petites insertions ou délétions prédéfinies. Elle repose sur l'utilisation d'une protéine fusion associant une version mutée de la nucléase Cas9 ne coupant qu'un seul brin de l'ADN (nCas9), et une reverse transcriptase (RT). À cette protéine est associé un ARN appelé pegARN qui remplit deux fonctions : guider la protéine nCas9-RT au locus ciblé, et apporter les mutations prédéfinies à introduire au locus. Ces mutations seront transcrites en ADN par la RT puis incorporées au locus lors de la réparation de la coupure. L'efficacité de la version originale du prime editing est néanmoins limitée.

Notre objectif a été d'optimiser le prime editing pour une utilisation dans des zygotes murins. Nous nous sommes basés sur des développements précédemment publiés sur la base d'expériences en culture cellulaire et utilisant la transfection de vecteurs d'expression des composants. Nos résultats reposent sur : i) la production et l'utilisation de complexes ribonucléoprotéiques associant la protéine recombinante nCas9-RT au pegARN produit par synthèse chimique, ii) l'électroporation des zygotes murins pour l'introduction des complexes. Nous avons évalué l'efficacité du système pour la substitution d'une base, en ciblant deux loci différents. Nous avons testé trois améliorations potentielles de la méthode : a) l'utilisation de concentrations élevées des complexes, b) l'utilisation d'un ARN guide supplémentaire pour introduire une coupure décalée sur le second brin d'ADN, accroissant le maintien des mutations souhaitées, c) des modifications de la structure des pegARN pour accroître leur stabilité ou améliorer leur conformation. Par ailleurs, pour le second locus ciblé, la protéine nCas9-RT a été remplacée par une protéine similaire dérivée de la nucléase SpRY. Les modifications induites dans le génome ont été analysées par séquençage des loci ciblés, après développement *in vitro* des zygotes jusqu'au stade blastocyste. Nous avons ainsi identifié une condition optimale pour laquelle respectivement 100% et 30% des embryons analysés présentent la mutation d'intérêt, avec un mosaïcisme variable. Reposant sur des ingrédients entièrement synthétiques, cette méthode devrait être applicable à toutes les espèces de mammifères pour lesquelles la réimplantation des embryons en mères porteuses est maîtrisée.

## Références bibliographiques :

Markossian S, Flamant F. CRISPR/Cas9: a breakthrough in generating mouse models for endocrinologists. *J Mol Endocrinol*. 2016 Aug;57(2):R81-92. doi: 10.1530/JME-15-0305. Epub 2016 Jun 7. PMID: 27272521.

Teixeira M, Py BF, Bosc C, Laubret D, Moutin MJ, Marvel J, Flamant F, Markossian S. Electroporation of mice zygotes with dual guide RNA/Cas9 complexes for simple and efficient cloning-free genome editing. *Sci Rep*. 2018 Jan 11;8(1):474. doi:

10.1038/s41598-017-18826-5. Erratum in: *Sci Rep*. 2018 Mar 13;8(1):4679. doi: 10.1038/s41598-018-22724-9. PMID: 29323173; PMCID: PMC5764989.

Anzalone AV, Randolph PB, Davis JR, Sousa AA, Koblan LW, Levy JM, Chen PJ, Wilson C, Newby GA, Raguram A, Liu DR. Search-and-replace genome editing without double-strand breaks or donor DNA. *Nature*. 2019 Dec;576(7785):149-157. doi: 10.1038/s41586-019-1711-4. Epub 2019 Oct 21. PMID: 31634902; PMCID: PMC6907074.

Liu Y, Yang G, Huang S, Li X, Wang X, Li G, Chi T, Chen Y, Huang X, Wang X. Enhancing prime editing by Csy4-mediated processing of pegRNA. *Cell Res*. 2021 Oct;31(10):1134-1136. doi: 10.1038/s41422-021-00520-x. Epub 2021 Jun 8. PMID: 34103663; PMCID: PMC8486859.

Li X, Zhou L, Gao BQ, Li G, Wang X, Wang Y, Wei J, Han W, Wang Z, Li J, Gao R, Zhu J, Xu W, Wu J, Yang B, Sun X, Yang L, Chen J. Highly efficient prime editing by introducing same-sense mutations in pegRNA or stabilizing its structure. *Nat Commun*. 2022 Mar 29;13(1):1669. doi: 10.1038/s41467-022-29339-9. PMID: 35351879; PMCID: PMC8964725.

Riesenberg S, Helmbrecht N, Kanis P, Maricic T, Pääbo S. Improved gRNA secondary structures allow editing of target sites resistant to CRISPR-Cas9 cleavage. *Nat Commun*. 2022 Jan 25;13(1):489. doi: 10.1038/s41467-022-28137-7. PMID: 35078986; PMCID: PMC8789806.

Walton RT, Christie KA, Whittaker MN, Kleinstiver BP. Unconstrained genome targeting with near-PAMless engineered CRISPR-Cas9 variants. *Science*. 2020 Apr 17;368(6488):290-296. doi: 10.1126/science.aba8853. Epub 2020 Mar 26. PMID: 32217751; PMCID: PMC7297043.

**Mots-clés** : Edition du génome, CRISPR/Cas9, NGT (New Genomic Techniques), prime editing, génomique fonctionnelle, espèce modèle.

## Héritage paternel : impacts du stress des mâles sur la descendance chez les oiseaux

**Auteur – Orateur :** Anaïs VITORINO CARVALHO

**Unité :** UMR 0085

**Liste complète des auteurs :** I. Grasseau<sup>1,\*</sup>, H. Martin<sup>1,\*</sup>, J. Lemarchand<sup>1</sup>, F. Cornilleau<sup>1</sup>, L. Court<sup>1</sup>, L. Calandreau<sup>1</sup>, A. Vitorino Carvalho<sup>1</sup>

INRAE, CNRS, IFCE, Université de Tours, PRC, 37380, Nouzilly, France

\* Ces autrices ont contribué de façon équivalente à ce travail.

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 2 – Priorité 1

**Résumé :**

Alors que l'influence des conditions de vie de la mère sur le développement de sa descendance a largement été étudiée, la contribution du père est encore peu connue. Récemment, il a été montré que l'exposition des souris mâles à un environnement stressant avant l'accouplement modifiait le comportement de leur descendance via la modification du contenu moléculaire des spermatozoïdes [1]. L'existence de effets inter- et transgénérationnels chez les oiseaux via la voie paternelle reste à démontrer. Pour les mettre en évidence, nous nous sommes intéressés à un modèle de cailles japonaises mâles élevées dans un environnement changeant de façon imprévisible [2]. Nous avons d'abord évalué l'impact direct du stress engendré sur les capacités reproductives des animaux (F0). Par la suite, les conséquences inter- et transgénérationnelles ont été étudiées sur la physiologie des petits.

Les mâles sexuellement matures de la génération F0 (onze semaines de vie, 32 mâles par condition) ont été soumis ou non à des modifications environnementales chroniques pendant trois semaines. Ces perturbations reposent sur la diffusion de sons imprévisibles (musique et/ou vocalises de prédateurs), le déplacement des animaux, leur surpeuplement, leur isolement ou encore l'introduction d'éléments perturbateurs dans leur cage (e.g. jet d'air), de façon aléatoire au cours de la journée [2]. Aucune de ces perturbations ne porte atteinte à l'intégrité physique de l'animal. Après insémination artificielle de femelles non stressées, les effets du traitement des pères sur la croissance, le comportement et la qualité des gamètes (œufs pondus et semence) ont été examinés sur les individus (mâles et femelles) des deux générations suivantes (F1 – n=20/condition/sexe – et F2 – n= 4-8/condition/sexe).

Chez les individus de la génération F1, les perturbations environnementales paternelles induisent l'augmentation du poids à l'éclosion, la modification du comportement exploratoire à 4 semaines de vie et la modification de la qualité des œufs pondus (poids du blanc et du jaune). Chez les individus de la génération F2, seul l'impact du traitement sur le comportement exploratoire est encore observable.

Ces données sont les premières à mettre en évidence l'existence de conséquences inter- et transgénérationnelles par la voie mâle chez les oiseaux. Les mécanismes moléculaires spermatiques associés sont en cours d'identification.

**Références bibliographiques :**

- [1] Gapp K, Jawaïd A, Sarkies P, Bohacek J, Pelczar P, Prados J, Farinelli L, Miska E, Mansuy IM. Implication of sperm RNAs in transgenerational inheritance of the effects of early trauma in mice. *Nat Neurosci* 2014; 17:667–669.
- [2] Lormant F, Cornilleau F, Constantin P, Meurisse M, Lansade L, Leterrier C, Lévy F, Calandreau L. Research Note: Role of the hippocampus in spatial memory in Japanese quail. *Poult Sci* 2020.

**Mots-clés :** Stress, mâle, effets inter- et transgénérationnels, oiseaux

## Quel lien entre réserves énergétiques musculaires et développement embryonnaire précoce ?

**Auteur – Orateur :** Sylvie Rival-Gervier

**Unité :** USC1361

### Liste complète des auteurs :

Kress C<sup>1\*</sup>, Bochereau P<sup>2\*</sup>, Montillet G<sup>1</sup>, Praud C<sup>2</sup>, Petit A<sup>2</sup>, Berri C<sup>2</sup>, Pain B<sup>1</sup>, Lagarrigue S<sup>3</sup>, Le Bihan-Duval E<sup>2</sup>, Métayer-Coustard S<sup>2+</sup>, **Rival-Gervier S<sup>1+</sup>**

1) Univ Lyon, Université Claude Bernard Lyon1, INSERM U1208, INRAE USC1361, SBRI, Stem Cell and Brain Research Institute, Bron, France.

2) INRAE, Université de Tours, BOA, Nouzilly, 37380, France.

3) PEGASE, INRAE, Institut Agro, 35590, Saint Gilles, France.

Email: sylvie.gervier@inserm.fr; Sonia.metayer-coustard@inrae.fr. (\*) et

(+): contributions égales de ces auteurs

### Grand Objectif scientifique :

GOS 2 – Priorité 1

### Résumé :

Chez le poulet, le pH ultime (pHu) de la viande est un déterminant majeur de sa qualité. Il possède un fort déterminisme génétique ( $h^2 = 0,57$ ) et reflète les réserves en glycogène musculaire (corrélation génétique,  $rg = -0,97$ ). Deux lignées, pHu+ et pHu-, ont été créées suite à une sélection divergente sur le pHu du muscle *Pectoralis major*. Outre les différences de qualité de la viande observées à l'abattage, ces deux lignées présentent des variations de développement musculaire et de métabolisme dès l'éclosion (Métayer-Coustard *et al.*, 2021). L'orientation métabolique des animaux est très précoce et intervient alors que l'embryon est dans l'œuf (Petit *et al.*, 2023 ; 2024).

La lignée pHu+, qui dispose de moins de réserves énergétiques, montre un taux de mortalité embryonnaire précoce plus élevé. Le score de qualité des poussins pHu+ à l'éclosion est également plus faible, ce qui contribue à un démarrage plus difficile et à un taux de mortalité sur la première semaine de vie supérieur à celui observé pour les poussins pHu- (Casdar CHICK'TIP 2018-2021 ; Métayer-Coustard *et al.*, 2023). La lignée pHu+ présente à l'âge d'abattage une plus forte fréquence du défaut musculaire white striping (Alnahhas *et al.*, 2016), associé à des processus de dégénérescence et de régénération des fibres musculaires (Beauclercq *et al.*, 2017). L'ensemble de ces résultats suggère que les divergences entre ces deux lignées pourraient apparaître dès les stades très précoces du développement embryonnaire, notamment pendant la formation et la différenciation des somites qui donnent naissance au dermatome, sclérotome et myotome, structures qui vont être à l'origine respectivement du derme, du cartilage et des muscles striés squelettiques.

Le projet COMODES, financé par le département PHASE, visait à caractériser les phénotypes précoces des lignées pHu+ et pHu- en étudiant la cinétique du développement embryonnaire précoce (< 72h) couvrant la période de formation et de différenciation des somites ainsi que de la mise en place des marqueurs de différenciation musculaire. Les résultats montrent que le taux de développement embryonnaire des pHu+ est inférieur à celui des pHu- et que, lorsqu'il y a développement, sa cinétique est beaucoup plus hétérogène chez les embryons pHu+ que chez les embryons pHu-. Cependant, nous n'avons pas observé de différences dans la mise en place des marqueurs musculaires pour des stades de développement équivalents, normalisés par le nombre de somites. Pour mieux comprendre les différences majeures susceptibles d'expliquer les variations de développement précoce entre les deux lignées pHu, nous avons réalisé une analyse des gènes différentiellement transcrits dans les blastocystes prélevés avant l'incubation des œufs dans les deux lignées. Les résultats sont actuellement en cours d'analyse et seront présentés à ces journées.

## Références bibliographiques :

Alnahhas N, Berri C, Chabault M, Chartrin P, Boulay M, Bourin MC, Le Bihan-Duval E. Genetic parameters of white striping in relation to body weight, carcass composition, and meat quality traits in two broiler lines divergently selected for the ultimate pH of the pectoralis major muscle. *BMC Genet.* 2016;17:61. doi: 10.1186/s12863-016-0369-2. PMID: 27094623; PMCID: PMC4837622.

Beauclercq S, Hennequet-Antier C, Praud C, Godet E, Collin A, Tesseraud S, Métayer-Coustard S, Bourin M, Moroldo M, Martins F, Lagarrigue S, Bihan-Duval EL, Berri C. Muscle transcriptome analysis reveals molecular pathways and biomarkers involved in extreme ultimate pH and meat defect occurrence in chicken. *Sci Rep.* 7(1):6447. doi: 10.1038/s41598-017-06511-6. PMID: 28743971; PMCID: PMC5526995.

Métayer Coustard, S., Tesseraud, S., Praud, C., Royer, D., Bordeau, T., Coudert, E., Cailleau-Audouin, E., Godet, E., Delaveau, J., Le Bihan-Duval, E., Berri, C. (2021). Early Growth and Protein-Energy Metabolism in Chicken Lines Divergently Selected on Ultimate pH. *Front Physiol.*, 12:643580. doi: 10.3389/fphys.2021.643580. eCollection 2021.

Petit A, Tesseraud S, Beauclercq S, Nadal-Desbarats L, Cailleau-Audouin E, Réhault-Godbert S, Berri C, Le Bihan-Duval E, Métayer-Coustard S. Allantoic fluid metabolome reveals specific metabolic signatures in chicken lines different for their muscle glycogen content. *Sci Rep.* 2023;13(1):8867. doi: 10.1038/s41598-023-35652-0. PMID: 37258592; PMCID: PMC10232533.

Petit A, Tesseraud S, Collin A, Couroussé N, Berri C, Bihan-Duval EL, Métayer-Coustard S. Ontogeny of hepatic metabolism in two broiler lines divergently selected for the ultimate pH of the Pectoralis major muscle. *BMC Genomics.* 2024;25(1):438. doi: 10.1186/s12864-024-10323-0. PMID: 38698322; PMCID: PMC11067279.

Métayer Coustard S., Collin A., Le Bihan-Duval E., Schrieke H., Hennequet-Antier C., Bergeot M.-A., Gautron J., Travel A. 2023. Chick'Tip : Un monitoring précoce de la qualité des poussins pour une production avicole plus durable. *Innovations Agronomiques*, 88, 77-90.

**Mots-clés :** Poulet, Développement, Embryon, Métabolisme Energétique

# La transcriptomique en cellule unique révèle les processus de maturation induits dans chaque type cellulaire de l'épithélium intestinal lors de la transition alimentaire du sevrage chez le lapin

**Auteur – Orateur :** Martin Beaumont

**Unité :** UMR1388 GenPhySE

**Liste complète des auteurs :** Tania Malonga (GenPhySE, MIAT), Christelle Knudsen (GenPhySE), Emeline Lhuillier (I2MC, GeT-Santé, GenoToul), Patrick Aymard (GenPhySE), Elodie Riant (I2MC, TRI, GenoToul), Cedric Cabau (Sigenae, GenPhySE), Nathalie Vialaneix (MIAT), Martin Beaumont (GenPhySE)

**Grand Objectif scientifique :**  
GOS 2 – Priorité 2

## Résumé :

Dans les élevages de lapin, des troubles digestifs sont fréquemment observés lors du sevrage en raison de l'immaturation de l'intestin des animaux. Il est donc nécessaire de mieux comprendre les mécanismes physiologiques impliqués dans le développement de l'intestin au début de la vie. Notre stratégie consiste à explorer les processus de maturation induits dans l'épithélium intestinal lors du démarrage de l'ingestion d'aliments solides. Nous avons utilisé une approche de transcriptomique en cellule unique (scRNA-seq) pour mettre en évidence les effets de l'introduction de l'alimentation solide sur l'expression des gènes dans chacun des types cellulaires de l'épithélium intestinal chez des lapereaux allaités. Ce travail nous a permis d'établir pour la première fois un atlas transcriptomique en cellule unique de l'épithélium intestinal chez le lapin. Nos résultats illustrent la diversité des cellules épithéliales intestinales (cellules souches, progénitrices, absorbantes, caliciformes, entéroendocrines) et révèlent pour la première fois la présence chez cette espèce des cellules BEST4<sup>+</sup>, une catégorie de cellules absorbantes matures dont les fonctions restent inconnues<sup>1</sup>. Nous avons observé que l'introduction de l'alimentation solide a fortement modifié l'expression des gènes dans chacun des types de cellules épithéliales intestinales, reflétant en particulier des modulations des mécanismes de défense de l'épithélium. Par exemple, l'ingestion d'aliments solides a activé la voie de l'interféron dans les cellules absorbantes matures et dans les cellules BEST4<sup>+</sup>. Par ailleurs, l'introduction de l'alimentation solide a modifié l'expression de nombreux gènes codant pour des transporteurs de nutriments dans les cellules absorbantes, ainsi que pour des hormones dans les cellules entéroendocrines. Nos résultats montrent donc que l'introduction de l'alimentation solide a modulé les fonctions de barrière et de nutrition de l'épithélium. Par ailleurs, nous avons observé que l'ingestion d'aliments solides modifie la composition du microbiote et sa production de métabolites<sup>2,3</sup>. Nous cherchons désormais à savoir si ces métabolites, produits par le microbiote intestinal lors de l'introduction de l'alimentation solide (ex : equol, imidazole propionate), contribuent à moduler l'expression des gènes de manière spécifique à chacun des types cellulaires. Pour cela, nous utilisons un modèle de monocouches de cellules d'organoïdes de caecum de lapin permettant de reproduire *in vitro* la diversité de l'épithélium intestinal<sup>4,5</sup>. La caractérisation par scRNA-seq des effets des métabolites bactériens nous permettra de progresser dans notre compréhension de la comaturation du microbiote et de l'épithélium intestinal au début de la vie. À plus long terme, ces connaissances à l'échelle cellulaire seront utiles pour le développement de stratégies nutritionnelles permettant de favoriser le développement et la santé de l'intestin des jeunes animaux dans les élevages.

## Références bibliographiques :

1.Malonga, T., Vialaneix, N., and Beaumont, M. (2024). BEST4+ cells in the intestinal epithelium. *American Journal of Physiology-Cell Physiology*. <https://doi.org/10.1152/ajpcell.00042.2024>.

2.Beaumont, M., Mussard, E., Barilly, C., Lencina, C., Gress, L., Painteaux, L., Gabinaud, B., Cauquil, L., Aymard, P., Canlet, C., et al. (2022). Developmental Stage, Solid Food Introduction, and Suckling Cessation Differentially Influence the Comaturation of the Gut Microbiota and Intestinal Epithelium in Rabbits. *J Nutr* 152, 723–736. <https://doi.org/10.1093/jn/nxab411>.



3. Beaumont, M., Paës, C., Mussard, E., Knudsen, C., Cauquil, L., Aymard, P., Barilly, C., Gabinaud, B., Zemb, O., Fourre, S., et al. (2020). Gut microbiota derived metabolites contribute to intestinal barrier maturation at the suckling-to-weaning transition. *Gut Microbes* *11*, 1268–1286. <https://doi.org/10.1080/19490976.2020.1747335>.

4. Mussard, E., Pouzet, C., Helies, V., Pascal, G., Fourre, S., Cherbuy, C., Rubio, A., Vergnolle, N., Combes, S., and Beaumont, M. (2020). Culture of rabbit caecum organoids by reconstituting the intestinal stem cell niche in vitro with pharmacological inhibitors or L-WRN conditioned medium. *Stem Cell Res* *48*, 101980. <https://doi.org/10.1016/j.scr.2020.101980>.

5. Beaumont, M., Blanc, F., Cherbuy, C., Egidy, G., Giuffra, E., Lacroix-Lamandé, S., and Wiedemann, A. (2021). Intestinal organoids in farm animals. *Vet Res* *52*, 33. <https://doi.org/10.1186/s13567-021-00909-x>.

**Mots-clés** : Intestin, sevrage, nutrition, microbiote, métabolites, lapin, scRNA-seq

# Diversité de la composition en oligosaccharides du lait de lapine et associations avec la mise en place du microbiote caecal et la survie des lapereaux

**Auteur – Orateur :** Combes Sylvie

**Unité :** 1388 GenPhySE

## Liste complète des auteurs :

Combes S. (GenPhySE), Knudsen C. (GenPhySE), Beaumont M. (GenPhySE), Rumeau M. (GenPhySE), Pascal G. (GenPhySE), Cauquil L. (GenPhySE), Helies V. (GenPhySE), Ruesche J. (GenPhySE), Poli M. (GenPhySE), Jones E. (GenPhySE), Lencina C. (GenPhySE), Aubin S. (DipSO), Girard A (LPGP), Venot E. (DMTS), Cholet S. (DMTS), Fenaille F. (DMTS)

## Grand Objectif scientifique :

GOS 2 – Priorité 2

## Résumé :

Premiers prébiotiques à disposition des nouveaux nés, les oligosaccharides du lait ont été largement décrits chez l'homme et de nombreuses espèces mammifères. Ces composés interviennent dans le développement du microbiote et de la barrière intestinale du nouveau-né mais aucune donnée n'est disponible pour le lait de lapine. Nous formulons l'hypothèse qu'il existe une variabilité de la composition en oligosaccharides du lait des lapines qui pourrait expliquer la variabilité du taux de survie et de composition du microbiote chez les lapereaux. Notre objectif était (i) de caractériser la diversité des oligosaccharides du lait de lapines par spectrométrie de masse MALDI-TOF, (ii) d'en évaluer la variabilité en fonction de la parité, du stade de lactation (iii) et d'établir les liens avec les performances reproductives d'un troupeau de lapines (n=67) et enfin (iv) de déterminer le rôle structurant de ces molécules sur la mise en place du microbiote caecal des lapereaux. Nous avons mis en évidence pour la première fois, un total de 37 oligosaccharides de compositions différentes, dont 3 seulement sont présents dans les laits de toutes les lapines. Comme attendu chez les mammifères non primates, les formes sialylées sont majoritaires dans le lait de lapine (83%), avec une large dominance des isomères du sialyllactose. Toutefois, 15 oligosaccharides (sur 37) sont fucosylés. En fin de lactation, l'abondance relative du sialyllactose diminue au profit du lacto-N-fucopentaose (Hex3\_HexNAc1\_Fuc1). Les caractéristiques individuelles des profils d'oligosaccharides observés en deuxième parité ne se maintiennent pas après 7 cycles reproductifs. Une relation négative entre le nombre de lapereaux sevrés sur la carrière de la femelle et l'abondance relative du sialyllactose a été mise en évidence. La mortalité entre la naissance et le sevrage est négativement corrélée à l'abondance relative des isomères du fucosyl-N-acetyl-glucosaminyl-Lacto-N-tetraose (Hex3\_HexNAc2\_Fuc1) et positivement avec ceux du disialyllacto-N-hexaoses (Hex4\_HexNAc2\_NeuAc2). A 26 jours, l'abondance relative de *Ruminococcaceae* CAG-352 est positivement associée aux isomères du sialyllactose tandis que *Ruminococcus* et *Alistipes* le sont négativement respectivement aux isomères du sialyllacto-N-fucopentaose (Hex3\_HexNAc1\_Fuc1\_NeuAc1) et du Hex3\_HexNAc2\_Fuc1. Enfin, face à l'hétérogénéité d'appellation des oligosaccharides du lait dans la littérature, nous avons créé un thesaurus de synonymes (MilkOligoThesaurus). Ce thesaurus, complémentaire à nos résultats *in vivo*, nous permet de poursuivre nos travaux sur la compréhension du rôle de la diversité des oligosaccharides du lait par l'analyse automatisée de la bibliographie (« text & data mining »). Les liens entre la composition en oligosaccharides du lait et la viabilité des lapereaux ou la composition de leur microbiote laissent entrevoir la possibilité de développement d'aliments enrichis en oligosaccharides pour optimiser la santé des lapereaux.

## Références bibliographiques :

API PHASE 2021 OSIRIS (OligoSaccharides In Rabbit milk Shapes early microbiota establishment)

ANR ANR-21-CE20-0045-01 HoloOligo (Structure diversity, functionality and modulation of milk OLIGOaccharides in monogastric livestock species: towards optimal development of rabbit and pig HOLObionts)

Combes S., Helies V., Lille-Laroucau C., Ruesche J., Poli M., Rumeau M., Beaumont M., Knudsen C., Venot E., Cholet S., Fenaille F., 2023. Variabilité de la composition en oligosaccharides du lait et lien avec la carrière reproductive des lapines et la viabilité des lapereaux au sevrage. Presented at the 19ème Journées de la Recherche Cunicole, Le Mans, France, pp. 86–90.

Rumeau M, Fenaille F, Girard A, Loux V, Ba M, Nédellec C, Deléger L, Bossy R, Aubin S, Knudsen C, Combes S (2024) MilkOligoThesaurus, a dataset of mammalian milk oligosaccharide synonyms, Data in Brief, 54:110404, doi.org/10.1016/j.dib.2024.110404.

Rumeau M, Knudsen C, et Combes S. « MilkOligoThesaurus: A milk oligosaccharide thesaurus (HoloOLIGO project) ». Recherche Data Gov, 2023. <https://doi.org/10.57745/RA5DAC>; <https://agroportal.lirmm.fr/ontologies/MILKOLIGO>

**Mots-clés :** oligosaccharides du lait, performance reproductive, santé, lapin, composition du lait, microbiote intestinal, thesaurus, normalisation, vocabulaire, MilkOligoThesaurus,

# Effets d'un stress thermique aigu ou sous forme d'une vague de chaleur sur l'intégrité de la barrière intestinale chez le porc

**Auteur – Orateur :** Perruchot Marie-Hélène, Wiart-Letort Sandra, Mauro-Vigroux Marie, Gondret Florence, Grundy Myriam

**Unité :** UMR 1348 PEGASE

**Liste complète des auteurs :** Perruchot Marie-Hélène, Wiart Sandra, Mauro-Vigroux Marie, Gondret Florence, Grundy Myriam

UMR PEGASE (Physiologie, Environnement et Génétique pour l'Animal et les Systèmes d'Élevage) INRAE – L'Institut Agro 16 Le Clos, 35590 Saint-Gilles, France

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 2 – Priorité 2

## Résumé :

Avec le changement climatique, les animaux sont confrontés à des épisodes de stress thermique. Les porcs sont particulièrement vulnérables aux fortes chaleurs en raison de l'absence de glandes sudoripares (Brown-Brandl et al., 2004). L'exposition à une forte chaleur ambiante induit une augmentation de la température interne corporelle des porcs (Renaudeau, 2020). Le stress thermique conduit à une altération des fonctions digestives, notamment de la barrière du jéjunum (Cui, 2015), et peut induire un déséquilibre entre la production d'espèces réactives de l'oxygène (ROS) et les systèmes de défenses antioxydantes provoquant un stress oxydatif (Yu et al., 2013). Les conséquences du stress thermique sur la fonctionnalité cellulaire digestive sont cependant encore mal connues, de même que l'activation de certains mécanismes internes de défense. Utiliser des cultures de cellules porcines (intestinales) représente une première étape pour comprendre les mécanismes d'action du stress thermique avant de rechercher des solutions pour en limiter les effets délétères. Les cellules épithéliales porcines IPEC-J2 représentent un modèle pertinent car plus proches de conditions physiologiques que les lignées tumorales humaines d'origine intestinale CaCo-2 souvent utilisées (Razzuoli, Villa et Amadori, 2013).

Nous avons exposé des cellules IPEC-J2 à un stress thermique (41°C) et prolongé (11 jours) comparativement à des cellules maintenues pendant la même période à une température de 37°C. A l'issue de cette période, nous avons observé une diminution significative de la résistance épithéliale, une moindre expression de la protéine ZO-1 essentielle pour la formation et le maintien des jonction intracellulaires, et une augmentation de la perméabilité membranaire (mesurée avec un dextran de 4 kDa). Ces modifications suggèrent une altération de la barrière intestinale par le stress thermique. L'expression de la mucine MUC-2, un protecteur des cellules contre les infections, est également diminuée significativement par le stress thermique. En outre, nous avons mesuré une augmentation de la production d'espèces réactives à l'oxygène (ROS) et une diminution de l'expression d'enzymes antioxydantes (glutathion peroxydase et glutathion réductase) et de la capacité totale antioxydante (index FRAP) des cellules. Dans une seconde série d'expérimentations in vitro, nous avons induit un stress thermique de 41°C pendant 5 jours puis abaissé la température à 37°C pendant 5 jours afin de mimer l'effet d'une vague de chaleur transitoire. L'expression d'enzymes antioxydantes est diminuée par le stress thermique et reste à un niveau faible, même après le retour à une température physiologique. La production de ROS reste plus élevée après le retour à 37°C dans les cellules préalablement exposées au stress thermique. Ces résultats suggèrent que plusieurs processus physiologiques (absorption intestinale, fonction de barrière, statut redox) chez le porc pourraient être altérés par les vagues de chaleur.

## Références bibliographiques :

Baumgard, L. H., Rhoads, R. P., Jr. Effects of Heat Stress on Postabsorptive Metabolism and Energetics. *Annual Review of Animal Biosciences* 2013, 1, 311– 337, DOI: 10.1146/annurev-animal-031412-103644

Brown-Brandl, T. M., Nienaber, J. A., Xin, H., & Gates, R. S. (2004). A literature review of swine heat production. *Transactions of the American Society of Agricultural Engineers*, 47(1), 259-270. <https://doi.org/10.13031/2013.15867>

Cui, Y., Gu, X. Proteomic changes of the porcine small intestine in response to chronic heat stress. *J. Mol. Endocrinol.* 2015, 55 (3), 277– 293, DOI: 10.1530/JME-15-0161

Razzuoli, E., Villa, R., & Amadori, M. (2013). IPEC-J2 cells as reportersystem of the anti-inflammatory control actions of

interferon-alpha. *Journal of Interferon and Cytokine Research*, 33, 597–605

Renaudeau D. Impact of single or repeated short-term heat challenges mimicking summer heat waves on thermoregulatory responses and performances in finishing pigs. *Transl Anim Sci*. 2020 Oct 13;4(4):txaa192. doi: 10.1093/tas/txaa192. PMID: 34164611; PMCID: PMC8216432.

Serviento AM, Labussière E, Castex M, Renaudeau D. Effect of heat stress and feeding management on growth performance and physiological responses of finishing pigs. *J Anim Sci*. 2020 Dec 1;98(12):skaa387. doi: 10.1093/jas/skaa387. PMID: 33277651; PMCID: PMC7772945.

Sun Q, Miao C, Hanel M, Borthwick AGL, Duan Q, Ji D, Li H. Global heat stress on health, wildfires, and agricultural crops under different levels of climate warming. *Environ Int*. 2019 Jul;128:125-136. doi: 10.1016/j.envint.2019.04.025. Epub 2019 May 3. PMID: 31048130.

Yu, J.; Liu, F.; Yin, P.; Zhao, H.; Luan, W.; Hou, X.; Zhong, Y.; Jia, D.; Zan, J.; Ma, W.; Shu, B.; Xu, J. Involvement of oxidative stress and mitogen-activated protein kinase signaling pathways in heat stress-induced injury in the rat small intestine. *Stress* 2013, 16 (1), 99– 113, DOI: 10.3109/10253890.2012.680526

**Mots-clés** : porc, intestin, in vitro, stress thermique

## Utiliser la bio-réactivité des plantes tropicales pour perturber les nématodes gastro-intestinaux des petits ruminants

**Auteur – Orateur :** Carine MARIE-MAGDELEINE

**Unité :** 0143- ASSET

**Liste complète des auteurs :**

Carine MARIE-MAGDELEINE, ASSET

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 2 – Priorité 3

**Résumé :**

Les infections par les nématodes gastro-intestinaux sont des maladies parasitaires courantes qui demeurent une des principales menaces mondiales en élevage des ruminants. En effet, elles posent de graves problèmes de santé et de bien-être chez les ruminants (retard de croissance, perte de poids et baisse de la fertilité), entraînant des pertes économiques significatives pour les éleveurs, notamment en zone tropicale. Depuis plus de 70 ans, les traitements anthelminthiques synthétiques ont été la principale méthode de lutte contre ces parasites chez les ovins et les caprins. Cependant, l'utilisation intensive et inappropriée de ces traitements a conduit à une résistance accrue des parasites, compliquant les moyens de lutte. Il est donc crucial de développer des méthodes alternatives comme la phytothérapie. En effet, l'utilisation de la bio-réactivité des métabolites secondaires des plantes sous forme d'extraits permettrait de conserver l'effet multi-cibles des végétaux, diminuant ainsi le risque de développement de résistances chez les parasites. Les métabolites secondaires des plantes, présents en quantités plus importantes dans les plantes tropicales comparativement aux plantes des climats tempérés, comportent des polyphénols tels que les tanins condensés qui ont montré des effets anthelminthiques efficaces en perturbant le cycle de vie des nématodes gastro-intestinaux. Il s'agit ici d'évaluer le potentiel anthelminthique d'extraits aqueux des 3 plantes : *Momordica charantia* L., *Carica papaya* L. et *Sargassum* spp., issues de la biodiversité Guadeloupéenne et sélectionnées pour leur richesse en polyphénols et leur abondance sur le territoire. Leurs effets en tant que perturbateurs de la biologie du parasite nématode *Haemonchus contortus* ont été étudiés en utilisant l'approche *in vitro* du test biologique de dégagement larvaire visant le stade infestant L3. Cette approche a été complétée par l'utilisation d'une méthodologie analytique de dépistage électrochimique, mise au point pour explorer 1) l'interaction avec l'hème, en lien avec le caractère hématophage du parasite, 2) l'interaction avec la chitine, composant principal du parasite. Outre la fourniture d'indicateurs préliminaires sur le mode d'action, cette méthodologie rapide, simple, fiable et innovante favorisera le criblage antiparasitaire de la biodiversité végétale de Guadeloupe. Par une détection rapide des extraits ou des molécules à fort potentiel anthelminthique, cette méthode permettra d'optimiser le temps et le coût expérimental pour le choix de futurs essais plus fins et plus lourds. En ciblant les stades internes L4 ou adultes, cette méthodologie pourrait aussi représenter une belle alternative aux essais *in vivo*.

**Références bibliographiques :**

Cabald, T.; Marie-Magdeleine, C.; Philibert, L.; Caradec, C.; Bertho, G.; Giraud, N.; Cebrián-Torrejón, G.; Sylvestre, M. *Phytochemical Study of the Anthelmintic Potential of Guadeloupean Plant Biodiversity. Pharmaceuticals* 2024, 17, 774. <https://doi.org/10.3390/ph17060774>

**Mots-clés :** Métabolites secondaires des plantes ; Anthelminthique ; antiparasitaires ; Nématodes ; Electrochimie ; Ruminants

## Favoriser l'usage des plantes en élevage

**Auteur – Orateur :** Nathaële Wacrenier

**Unité :** 1206 EASM

**Liste complète des auteurs :** Wacrenier Nathaële (EASM), Germain Karine (EASM), Guilloteau Laurence (BOA)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 2 – Priorité 3

### Résumé

L'institut et le département PHASE se tournent délibérément vers l'agroécologie, l'agriculture biologique et la durabilité. Ces évolutions nécessitent d'accorder une importance majeure aux mesures de prévention adaptées et de disposer de stratégies complémentaires aux traitements conventionnels pratiqués en élevage. La connaissance approfondie des principes actifs et des activités pharmacologiques des plantes (aromatiques, médicinales) permet de proposer de nouvelles solutions pouvant contribuer au bien-être des animaux et à limiter les intrants médicamenteux en élevage.

Un nouveau projet est mis en place par le département. Il propose une veille scientifique et réglementaire ainsi qu'un accompagnement des projets scientifiques favorisant l'usage des plantes en élevage d'animaux de rente ou aquatiques dans le cadre de la transition agroécologique des élevages.

Le premier volet porte sur la réglementation des produits à base de plantes médicinales utilisées en élevage. Il est important de proposer aux scientifiques et ingénieurs une position claire et cohérente de leurs utilisations possibles et de son évolution. Une veille réglementaire de l'usage des plantes en élevage à des fins non thérapeutiques est réalisée en relation avec le responsable de la charte sanitaire de l'INRAE. Ceci est gage d'une utilisation conforme à la réglementation des plantes en élevage ou en expérimentation. Cet aspect est complété par une veille scientifique sur les publications, réalisée mensuellement et diffusée sur le site du département (<https://phase.intranet.inrae.fr/communication/infolettre-plantes-en-elevage>). Ce bulletin de veille (Infolettre Plantes en élevage) propose une synthèse bibliographique ciblant une plante européenne sauvage ou cultivée, des articles scientifiques récents portant sur des plantes utilisées dans les élevages d'animaux de rente (bovins, ovins, porcins, volailles, poissons) pour améliorer la production, la nutrition, la régulation ou encore le bien-être et enfin un volet ethnovétérinaire pour élargir la réflexion.

Le second volet consiste à conseiller dans le choix des plantes (connaissances précises sur les propriétés des plantes) et à accompagner des projets scientifiques intégrant l'utilisation de plantes aromatiques ou médicinales. Les projets peuvent porter notamment sur les besoins d'exploration des animaux, des sources d'émotions positives, de l'automédication, des bio-stimulations, des adaptations à des facteurs de stress, d'améliorer le bien-être ou diversifier l'alimentation. Selon les objectifs des projets et les espèces animales étudiées (terrestres ou aquatiques), une étude bibliographique approfondie et argumentée est réalisée sur des plantes ayant des propriétés d'intérêt. Ceci permet ainsi d'étayer les choix (plante unitaire ou en mélange de plante, la concentration et le mode d'utilisation) lors de l'établissement du protocole expérimental. Les conseils sont également assurés tout au long du protocole pour faciliter la réalisation de l'étude (choix des producteurs ou distributeurs de plantes, qualité des plantes, stockage, réglementation).

Pour tous vos besoins et vos questions contactez Nathaële Wacrenier par mail [nathaele.wacrenier@inrae.fr](mailto:nathaele.wacrenier@inrae.fr)

**Mots-clés :** Elevage, méthodes alternatives, bien-être, performances, production



# Phénotypage de la résilience des ruminants dans un contexte de transition agroécologique et de changement climatique

**Auteur – Orateur :** Fabienne Blanc (ou José Pires, Anne De La Torre)

**Unité (codique + sigle) :** 1213, UMRH

**Liste complète des auteurs (Noms + sigles unités) :**

José Pires<sup>1</sup>, Anne De La Torre<sup>1</sup>, Marie Ithurbide<sup>2</sup>, Luciano Barreto-Mendes<sup>1</sup>, Carole Delavaud<sup>1</sup>, Mylène Delosière<sup>1</sup>, Rachel Rupp<sup>3</sup>, Nicolas Friggens<sup>4</sup>, Fabienne Blanc<sup>1,5</sup>

<sup>1</sup> : 1213 - UMR Herbivores

<sup>2</sup> : 1313 – UMR GABI

<sup>3</sup> : 1388 – UMR GenPhyse

<sup>4</sup> : 0792-MoSAR et 1348 - PEGASE

<sup>5</sup> : VetAgro-Sup

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 2 – Priorité 3

## Résumé :

Face au changement global, l'élevage de ruminants résilients est un levier d'adaptation majeur. Le concept de résilience s'applique à différentes échelles (animal, troupeau, système d'élevage) (1). La résilience d'un individu se définit comme sa capacité à être peu affecté par une perturbation de court-terme et à revenir rapidement à l'état avant perturbation (2). Les mécanismes mis en jeu relèvent de l'homéostasie. En pratique, l'étude de la résilience nécessite de mesurer des phénotypes au cours du temps de façon à quantifier les déviations induites par une ou plusieurs perturbations et les dynamiques de retour à l'état avant perturbation. Deux approches sont déployées : (i) une approche expérimentale où les animaux sont exposés à un challenge aux paramètres contrôlés (nature, durée, intensité) ou (ii) une approche *a posteriori* qui consiste à détecter des perturbations à partir de jeux de données longitudinales (production laitière, poids vif, activités) (3). Des mesures répétées sont facilitées par l'utilisation de capteurs. Quelle que soit l'approche, les études rendent compte d'une variabilité interindividuelle dans les réponses et l'influence de facteurs animaux (historique nutritionnel, réserves corporelles, stade physiologique, etc). L'aspect temporel de la résilience requiert l'utilisation de méthodes d'analyse dédiées (4, 5, 6, 7). Nos travaux récents sur caprins et bovins cherchent à comprendre les mécanismes impliqués dans la résilience à des perturbations nutritionnelles et reposent sur l'intégration multivariée de données zootechniques et d'autres phénotypes (métabolites, 'omiques', cytokines, etc) du plasma et du lait (7, 8, 9, 10, 11, 12). Ainsi, des typologies adaptatives à des perturbations nutritionnelles ont pu être différenciées et mises en relation avec la longévité fonctionnelle chez la chèvre (12). De même, des typologies communes de réponses ont été identifiées chez des vaches ayant des potentiels laitiers contrastés (13). Néanmoins lorsque les perturbations s'enchaînent, 50% des vaches changent de typologie, suggérant une modification de la résilience dans le temps (14). Au sein d'un troupeau, une diversité de profils de priorisation entre fonctions existe (15) et pourrait expliquer les différences de résilience entre individus. Les travaux se poursuivent et visent à l'échelle animale à caractériser les mécanismes sous-jacents à partir d'approches 'omiques' non ciblées, d'indicateurs spectraux dans le lait et d'analyses de données issues de capteurs. A l'échelle du troupeau, les travaux portent sur l'intérêt de la diversité intra-troupeau sur la résilience globale et sur leur résilience au stress thermique (16, 17).

**Références bibliographiques :**

1. Friggens NC, Adriaens I, Boré R, Cozzi G, Jurquet J, Kamphuis C, Leiber F, Lora I, Sakowski T, Statham J, and De Haas Y, 2022. Resilience: reference measures based on longer-term consequences are needed to unlock the potential of precision livestock farming technologies for quantifying this trait. Peer Comm. J. 2, e38.

2. Colditz IG and Hine BC, 2016. Resilience in farm animals: biology, management, breeding and implications for animal welfare. Anim. Prod. Sci. 56, 1961.

3. Ben Abdelkrim A, Tribout T, Martin O, Boichard D, Ducrocq V, and Friggens NC, 2021. Exploring simultaneous perturbation profiles in milk yield and body weight reveals a diversity of animal responses and new opportunities to identify resilience proxies. *J. Dairy Sci.* 104, 459–470.
4. Poppe M, Veerkamp RF, Van Pelt ML and Mulder HA, 2020. Exploration of variance, autocorrelation, and skewness of deviations from lactation curves as resilience indicators for breeding. *J. Dairy Sci.* 103, 1667–1684.
5. Barreto-Mendes L, De La Torre A, Ortigues-Marty I, Cassar-Malek I, Pires J and Blanc F, 2022. How to approach the resilience of livestock exposed to environmental challenges Quantification of individual response and recovery by means of differential calculus. *Animal - Open Space* 1, 100008.
6. Aliakbari A, Pires JAA, Barreto-Mendes L, Blanc F, Cassar-Malek I, Ortigues-Marty I and De la Torre A, 2022. Using piecewise regression models to evaluate beef cows responses to nutritional challenges. EAAP, Porto, Portugal.
7. Ithurbide M, Wang H, Fassier T, Li Z, Pires J, Larsen T, Cao J, Rupp R and Friggens NC, 2023. Multivariate analysis of milk metabolite measures shows potential for deriving new resilience phenotypes. *J. Dairy Sci.* 106, 8072–8086.
8. Pires J, De La Torre A, Barreto-Mendes L, Bes S, Constant I, Roux D, Tourret M, Blanc F, Cassar-Malek I and Ortigues-Marty I, 2022. Exploring links among indicators of feed efficiency and resilience in Montbéliarde and Holstein cows. *Animal - Science Proc.* 13, 457–458.
9. De La Torre A, Barreto-Mendes L, Pires JAA, Cassar-Malek I, Ortigues-Marty I and Blanc F, 2022. Exploration of robustness indicators using adaptive responses to short-term feed restriction in suckling primiparous beef cows. *Animal* 16, 100556.
10. Delavaud C, De La Torre A, Durand D, Bes S, Roux D, Thomas A, Tourret M, Ortigues-Marty I, Cassar-Malek I, Bonnet M and Pires JAA, 2023. Dairy cow inflammatory status is modulated by physiological stage and feed restriction. EAAP, Lyon, France
11. Delosière, M., J. Pires, L. Bernard, I. Cassar-Malek, and M. Bonnet. 2019. Milk proteome from in silico data aggregation allows the identification of putative biomarkers of negative energy balance in dairy cows. *Scientific Reports* 9: 9718.
12. Ithurbide, M., T. Fassier, R. Rupp, G. Foucras. 2024. Comparison of the cytokine profiles after LPS injection between two lines of goats selected for functional longevity. EAAP, Florence, Italie.
13. Barreto Mendes L, Pires J, Aliakbari A, Ortigues-Marty I, Cassar-Malek I, Blanc F and De La Torre A 2022a. Profiling suckling beef and dairy cows' responses to feed restriction. *Animal - Science Proc.* 13, 496–498.
14. Barreto-Mendes L, Pires JAA, De La Torre A, Ortigues-Marty I, Cassar-Malek I and Blanc F, 2023. Feed efficiency relates to the ability of supporting lactation in dairy cows facing feed restriction. EAAP, Lyon, France
15. Ollion E, Ingrand S, Delaby L, Trommenschlager JM, Colette-Leurent S and Blanc F, 2016. Assessing the diversity of trade-offs between life functions in early lactation dairy cows. *Livestock Sci.* 183, 98–107.
16. Blanc F and Chassaing C, 2022. La diversité intra-troupeau : un levier de robustesse pour les troupeaux bovins laitiers. 3R, Paris, France, pp. 488-492.
17. Lisse H, Chassaing C, Barreto-Mendes L and Blanc F, 2024. A framework to study the resilience of dairy herds to climate change from on-farm data. EAAP, Mountain Livestock Farming System Meeting, Clermont-Ferrand, France.

**Mots-clés** : résilience, phénotypage, ruminant, données longitudinales, indicateurs physiologiques et zootechniques

## Planifier la biodiversité dans les systèmes aquacoles : un flux opérationnel pour concevoir de nouvelles polycultures de poissons

**Auteur – Orateur :** Lecocq Thomas ou Thomas Marielle

**Unité:** L2A

**Liste complète des auteurs.:** Thomas Lecocq (L2A), Marie-Laure Tchiédjo (L2A), Simon Lévy (CIRAD), Pascal Fontaine (L2A), Joël Aubin (SAS), Marielle Thomas (L2A)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 3 – Priorité 1

### Résumé :

La polyculture peut améliorer la durabilité de l'aquaculture. Cependant, si la polyculture est une approche complexe qui peut bénéficier de complémentarités entre les espèces, elle peut aussi engendrer une concurrence interspécifique et des problèmes de bien-être animal. Les avantages potentiels de la polyculture peuvent être avérés à condition qu'il y ait compatibilité et complémentarité entre les espèces combinées. Il est donc essentiel d'identifier les combinaisons d'espèces les plus prometteuses pour un système aquacole donné. Nous avons développé un flux opérationnel intégratif pour accompagner et planifier le choix et le développement de nouvelles polycultures de poissons. Ce flux est conçu pour sélectionner, parmi toutes les combinaisons possibles dans un ensemble d'espèces, les plus intéressantes pour développer de nouvelles polycultures piscicoles. Afin de rendre ce flux opérationnel utilisable pour de nombreuses espèces de poisson en minimisant le recours à l'expérimentation pour des raisons éthiques, pratiques et économiques, nous utilisons en priorité des approches de comparaisons de niches écologiques et d'écologie fonctionnelle pour estimer la compatibilité (c.-à-d. capacité des espèces à vivre dans le même système de production sans interactions négatives et en minimisant la compétition pour les ressources trophiques et spatiales) et la complémentarité (c.-à-d. capacité des espèces à utiliser différentes parties des ressources disponibles ou développer des interactions commensales ou mutualistes). Dans un second temps, nous utilisons des approches d'évaluation multicritère pour évaluer les polycultures du point de vue des performances zootechniques, de la durabilité et du bien-être animal. Le flux opérationnel se réalise en trois étapes successives. Ces étapes tiennent compte de la compatibilité et de la complémentarité des espèces combinées, ainsi que des attentes des parties prenantes, de la durabilité des systèmes et du bien-être des poissons. L'étape 1 sélectionne les combinaisons les plus prometteuses d'espèces compatibles (c.-à-d. les "combinaisons prospectives") en se fondant sur les opinions et les attentes des parties prenantes, à l'aide de bases de données et d'enquêtes. L'étape 2 valide l'efficacité des combinaisons prospectives sur la base d'essais biologiques, en tenant compte de la complémentarité des espèces et du bien-être des animaux. L'étape 3 consiste à mettre en œuvre la ou les meilleures combinaisons d'espèces dans la production aquacole, au cours de laquelle le prototypage est utilisé pour étudier la durabilité du système de production commerciale qui en résulte.

Le flux opérationnel veut favoriser l'innovation en aquaculture en exploitant les forces de la polyculture. Il est utilisable dans l'ensemble des contextes aquacoles. Actuellement, il est appliqué au développement de l'aquaculture en France et au Cambodge et de l'aquaponie en Europe.

**Références bibliographiques :** Lecocq, T. et al. Stronger together: A workflow to design new fish polycultures. *Rev. Aquac.* 16, 1374–1394 (2024).

**Mots-clés :** Aquaculture, Polyculture, Approche in silico, Biodiversité

## Les systèmes d'élevage agropastoraux (Méditerranéens) comme 'modèles' agroécologiques pour s'adapter au changement climatique ?

**Auteur – Orateur :** Lurette / Stark

**Unité :** UMR868 SELMET

**Liste complète des auteurs :** A. Lurette (1), S. Lobón (2), F. Douhard (3), M. Blanco-Alibes (2), D. Martin-Collado (2), L. Puillet (4), A. Madrid (5), M. Curtil (1), F. Stark (1)  
(1) UMR SELMET (2) CITA Saragosse (3) UMR GenPhyse (4) UMR MOSAR (5) Idele, Toulouse

**Grand Objectif scientifique :**  
GOS 3 – Priorité 1

### Résumé :

En valorisant les complémentarités et synergies possibles entre une diversité végétale (spontanée et cultivée), et une diversité animale (à l'échelle des individus et du troupeau), les systèmes d'élevage agropastoraux (SEAP) apparaissent comme un modèle d'intérêt pour concevoir des systèmes d'élevage agroécologiques [1,2,3]. De plus, la capacité d'adaptation de ces systèmes qui composent avec des ressources fortement variables dans le temps et dans l'espace, nous semble intéressante à documenter pour en comprendre les déterminants et identifier des leviers d'adaptation au changement climatique (CC) qui pourraient être génériques à d'autres situations [4,5,6].

Des travaux menés récemment dans le cadre du projet PRIMA AdaptHerd ont permis d'analyser la perception des agriculteurs de quatre pays agropastoraux du pourtour méditerranéen vis-à-vis de l'impact du CC ainsi que les stratégies passées et futures à mettre en œuvre pour s'adapter au CC [7]. Sur cette base, des travaux complémentaires combinant une conception participative des stratégies d'adaptation et une simulation de ces stratégies sur quatre types d'exploitations méditerranéennes françaises et espagnoles ont été mis en œuvre. Pour chaque cas d'étude, des groupes d'experts ont été consultés pour concevoir : (i) l'impact prévu du changement climatique sur la végétation et (ii) des stratégies d'adaptation. Nous avons ainsi testé les effets de trois leviers : (i) l'augmentation de la surface pastorale, (ii) le décalage des périodes de pâturage, et (iii) la diminution du nombre d'agnelages ou de mise bas, tout ceci dans un objectif de faire correspondre au mieux les besoins des animaux à la disponibilité des ressources fourragères. L'évaluation de l'effet de ces leviers d'adaptation sur les performances de ces systèmes s'est faite en termes d'autonomie fourragère, de taux de pâturage et de nombre de jours où les besoins ne sont pas couverts. La mise en œuvre des leviers a montré qu'ils permettent d'atténuer les impacts du changement climatique mais qu'ils ne permettent pas de maintenir un état initial en termes de couverture des besoins, d'autonomie et/ou de pâturage.

Même si les SEAP sont à même de répondre aux enjeux de la transition agroécologique, leur capacité d'adaptation aux aléas liés au changement climatique semble remettre en question certaines de leurs propriétés agroécologiques. Des travaux se poursuivent (thèse R. Jarry, projet PRIMA PasAgroPas) pour explorer quels sont les compromis entre pratiques et performances à maintenir afin de concevoir des SEAP plus résilients face aux aléas climatiques.

### Références bibliographiques :

Alary, V., C.-H. Moulin, J. Lasseur, A. M. Abounaga et M. T. Srhiri (2017). « The future of Mediterranean Livestock Farming Systems : Opportunity and efficiency of Crops–Livestock Integration. Final report CLIMED ».

Debray, V., A. Wezel, A. Lambert-Derkimba, K. Roesch, G. Lieblein et C. A. Francis (2019). « Agroecological practices for climate change adaptation in semiarid and subhumid Africa ». *Agroecology and Sustainable Food Systems* 43.4, p. 429-456.

Moulin, C.-H. (2014). « Multiple services provided at territory scale from Mountain and Mediterranean livestock systems ». *Options Méditerranéennes*, A 109, p. 559-572.

Moulin, C.-H., L. Etienne, M. Jouven, J. Lasseur, M. Napoléone, M.-O. Nozières-Petit, E. Vall et A. Vidal (2021). The dynamics of agropastoral activities with regard to the agroecological transition.

Martín-Collado, D., S. Lobón, M. Joy, I. Casasús, A. Mohamed-Brahmi, Y. Yagoubi, F. Stark, A. Lurette, A. Aboul-Naga, E. Salah et A. Tenza-Peral (sept. 2022). « Farmer views of best climate change adaptation strategies for sheep farming in the Mediterranean ». 73rd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. Book of Abstracts of the 73rd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. EAAP. Porto, Portugal : Wageningen Academic Publishers. url : <https://hal.inrae.fr/hal-03775350>.

Nozières-Petit, M.-O., Etienne. L., Launay F. et C.-H. Moulin (2021). « Editorial : 5 ans de travaux au sein de l'UMT Elevages Pastoraux en territoires méditerranéens ». Fourrages 245, p. 1-3.

Ripoll-Bosch, R., B. Diez-Unquera, R. Ruiz, D. Villalba, E. Molina, M. Joy, A. Olaizola et A. Bernués (2012). « An integrated sustainability assessment of mediterranean sheep farms with different degrees of intensification ». Agricultural systems 105.1, p. 46-56.

**Mots-clés** : Elevage agro-pastoral / Agroécologie / Adaptation / Modélisation

## Produire du lait en minimisant l'excrétion d'azote des vaches laitières avec des régimes associant herbe verte et ensilage de maïs : un compromis à trouver

**Auteur – Orateur :** Nadège Edouard

**Unité :** 1348 PEGASE

**Liste complète des auteurs :** Nadège Edouard (INRAE PEGASE), Manon Ferreira (INRAE PEGASE), Rémy Delagarde (INRAE PEGASE)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 3 – Priorité 2

### Résumé :

Pour améliorer leur autonomie et réduire leur impact environnemental, les éleveurs laitiers peuvent diminuer, voire parfois supprimer, l'utilisation de concentrés protéiques dans la ration des vaches au profit d'herbe verte produite sur la ferme. Or, la littérature traitant des effets des associations d'herbe verte et d'ensilage de maïs sur l'excrétion d'N est particulièrement rare (Ferreira, 2023). Deux expérimentations ont ainsi exploré les effets de différentes proportions d'herbe (0 à 100%) dans une ration d'ensilage de maïs, avec ou sans tourteau de soja. Dans l'essai 1, quatre proportions d'herbe verte ont été offertes (0, 25, 50 et 75% de la MS de la ration, soit respectivement H0, H25, H50 et H75) à cinq vaches en lactation alimentées avec une ration complète composée à 85% d'ensilage de maïs et 15% de tourteau de soja (base MS). La teneur en matières azotées totales (MAT) des rations a très faiblement varié entre les traitements (127 à 134 g/kg MS) du fait de teneurs en MAT très proches entre la ration complète et l'herbe verte. L'ingestion et la production laitière ont diminué linéairement de respectivement 5,2 kg MS/j et 3,7 kg/j entre le régime H0 et le régime H75. L'excrétion d'N urinaire n'a pas été affectée par les traitements, alors que l'excrétion d'N fécal a diminué avec la hausse de la proportion d'herbe verte dans la ration, ce qui a entraîné une hausse de la proportion d'N urinaire dans l'N excrété (Ferreira et al, 2024). Dans l'essai 2, quatre proportions d'ensilage de maïs ont été offertes (0, 17, 34, 51% de la MS de la ration, soit respectivement H100, H83, H66 et H49) à huit vaches laitières, en complément d'une ration d'herbe verte. La teneur en MAT de l'herbe verte a été très basse tout au long de l'essai (106 ± 13,0 g/kg DM), ce qui s'est traduit par des teneurs en MAT des rations très faibles, et ce d'autant plus que la proportion d'ensilage de maïs dans la ration était importante (108 à 86 g MAT/kg MS entre le régime H100 et le régime H49). L'ingestion et la production laitière ont diminué linéairement de respectivement 3,3 kg MS/j et 3,3 kg/j entre ces deux régimes. L'excrétion d'N dans les fèces et dans l'urine ont diminué linéairement de respectivement 29 et 23 g/j du régime H100 au régime H49. Avec un tel déficit en N de la ration, l'N urinaire s'approche d'un seuil minimal d'environ 50 g N/j, l'N uréique urinaire représentant moins de 8% de l'N urinaire total (de 14 à 80% dans la littérature ; Ferreira et al, 2023). Ces résultats démontrent que les variations d'excrétion d'N selon la proportion d'herbe verte sont surtout corrélées aux variations de teneur en MAT de la ration. Néanmoins, limiter les rejets d'N urinaire à leur strict minimum, pour réduire les émissions d'ammoniac associées, est incompatible avec des niveaux d'ingestion et de production laitière viables pour la vache et pour l'éleveur.

### Références bibliographiques :

M. Ferreira (2023). Efficience et excrétion d'azote de vaches laitières alimentées avec des régimes associant herbe verte et ensilage de maïs. Thèse de doctorat de l'Institut Agro Rennes-Angers.

M. Ferreira, R. Delagarde, N. Edouard (2023). Nitrogen balance in dairy cows fed low-nitrogen diets based on various proportions of fresh grass and maize silage. *Animal*, 17 (10), 100976, <https://dx.doi.org/10.1016/j.animal.2023.100976>

M. Ferreira, R. Delagarde, N. Edouard (2024). Effects of replacing corn silage and soybean meal with an increasing percentage of fresh herbage on dairy cow nitrogen use efficiency and flows. *Animal Science Journal*, 95 (1), e13965, <https://dx.doi.org/10.1111/asj.13965>

**Mots-clés :** associations de fourrages, rations bas azote, flux d'azote, urée urinaire

# Réduction de la teneur en protéines et du bilan électrolytique dans les aliments chez le poulet de chair : Conséquences sur les flux d'azote et les émissions gazeuses au bâtiment

**Auteur – Orateur :** Bertrand Méda

**Unité :** 0083 BOA

## Liste complète des auteurs :

Théophile de Rauglaudre (0083 BOA ; Université Laval, Québec, CANADA - *doctorant*), Marie-Pierre Létourneau-Montminy (Université Laval, Québec, CANADA), Sébastien Fournel (Université Laval, Québec, CANADA), Stéphane Godbout (IRDA, Québec, CANADA), Dalila Larios (IRDA, Québec, CANADA), William Lambert (METEX Animal Nutrition, Paris, FRANCE), Aude Simongiovanni (METEX Animal Nutrition, Paris, FRANCE), Simon Fontaine (METEX Animal Nutrition, Paris, FRANCE)

## Grand Objectif scientifique :

GOS 3 – Priorité 3

## Résumé :

Chez le poulet de chair, la meilleure connaissance des besoins en acides aminés (AA) et l'utilisation d'AA libres pour équilibrer la ration rend possible aujourd'hui la réduction de la teneur en protéines brutes (PB) des aliments sans compromettre les performances [1,2]. Cette stratégie permet de répondre à différents enjeux de durabilité. En particulier, elle améliore l'autonomie protéique grâce à une utilisation réduite de soja et à la valorisation de matières premières locales. De plus, l'excrétion d'azote (N) est réduite d'environ 10% par 10 g PB/kg en moins dans l'aliment [1,3]. Un effet synergique de cette stratégie a par ailleurs été mis en évidence : le N excrété est réduit et celui-ci est également moins volatilisé (en % du N excrété) [4]. Ce phénomène serait lié à des litières plus sèches, via la baisse du bilan électrolytique des aliments (BE ; en lien avec la teneur réduite en soja) qui réduit la consommation d'eau des animaux [5]. Toutefois, cette hypothèse n'avait pas été confirmée et les formes gazeuses de N volatilisées restaient indéterminées. Cette étude visait donc à évaluer l'effet de la baisse de PB et du BE sur les émissions gazeuses et les flux de N chez le poulet de chair. Quatre régimes expérimentaux ont été testés lors de 2 répétitions entre 11 et 35-37 jours d'âge (phase croissance-finition) dans douze chambres indépendantes conçues pour mesurer en continu les émissions gazeuses. Les régimes étaient : un régime témoin (T), un régime réduit en PB (BasPB : -16/-30 g PB/kg en croissance/finition) et deux régimes BasPB supplémentés en potassium (BasPB+K) ou sodium (BasPB+Na) pour ramener le BE au niveau du régime T. Les émissions d'ammoniac (NH<sub>3</sub>), de protoxyde d'azote (N<sub>2</sub>O) et de méthane (CH<sub>4</sub>) ont été mesurées et un bilan de masse a été réalisé en fin d'essai pour évaluer le devenir du N ingéré, réparti entre rétention corporelle, volatilisation et litière. Par rapport au régime T, le poids vif des animaux était réduit dans les 3 régimes à BasPB (2,97 vs. 3,13 kg ; P < 0,001) et l'indice de consommation augmenté (1,65 vs. 1,57 ; P < 0,001). Malgré ces performances zootechniques altérées, l'excrétion de N a été réduite d'environ 30% par rapport au régime T (P < 0,001), tout comme la consommation d'eau dans les régimes BasPB et BasPB+Na (-18% ; P < 0,001). La volatilité du N excrété était également réduite avec la baisse de PB mais à des niveaux différents avec ou sans contrôle du BE (respectivement -62% vs. -46% ; P < 0,001). Comme attendu, les émissions de NH<sub>3</sub> étaient réduites avec la baisse de PB (-58% ; P < 0,001) mais les émissions de N<sub>2</sub>O et de CH<sub>4</sub> sont restées similaires. Ces résultats confirment donc l'intérêt environnemental de la baisse de PB chez le poulet de chair pour réduire les émissions de NH<sub>3</sub> et améliorer le bouclage du cycle du N (*i.e.*, azote davantage conservé dans les litières). Ils seront prochainement intégrés dans une approche d'Analyse du Cycle de Vie pour évaluer ses effets à plus large échelle.

## Références bibliographiques :

[1] de Rauglaudre T., Méda B., Fontaine S., Lambert W., Fournel S., Létourneau-Montminy M.-P., 2023. Meta-analysis of the effect of low-protein diets on the growth performance, nitrogen excretion, and fat deposition in broilers. *Frontiers in Animal Science*, 4, 1214076.

[2] Woyengo T.A., Bach Knudsen K.E., Børsting C.F., 2023. Low-protein diets for broilers: Current knowledge and potential strategies to improve performance and health, and to reduce environmental impact. *Animal Feed Science and Technology*, 297, 115574.

[3] Cappelaere L., Le Cour Grandmaison J., Martin N., Lambert W., 2021. Amino acid supplementation to reduce



environmental impacts of broiler and pig Production: A review. *Frontiers in Veterinary Science*, 8, 689259

[4] Belloir P., Méda B., Lambert W., Corrent E., Juin H., Lessire M., Tesseraud S., 2017. Reducing the CP content in broiler feeds: impact on animal performance, meat quality and nitrogen utilization. *Animal*, 11, 1881-1889

[5] Alfonso-Avila A.R., Cirot O., Lambert W., Létourneau-Montminy M.-P., 2022. Effect of low-protein corn and soybean meal-based diets on nitrogen utilization, litter quality, and water consumption in broiler chicken production: insight from meta-analysis. *Animal*, 16, 100458.

**Mots-clés** : excrétion, volatilisation, ammoniac, gaz à effet de serre, effluent

## Patuchev : performances techniques et environnementales de trois conduites maximisant l'utilisation de l'herbe en élevage caprin

**Auteur – Orateur :** Hugues CAILLAT

**Unité :** 1373 FERLUS

**Liste complète des auteurs :**

Julien Quénon, FERLUS, Nicole Bossis, Idele, Jérémie Jost, Idele, Marc Benoit, UMRH, Sophie Prache, UMRH

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 3 – Priorité 3

**Résumé :**

En 2013, INRAE en partenariat avec les acteurs du territoire a mis en place l'expérimentation-système Patuchev pour concevoir et tester des élevages caprins basés sur une plus grande utilisation de l'herbe. Cette expérimentation s'inscrivait alors dans un contexte de forte volatilité du prix des matières premières, et d'une faible autonomie alimentaire des élevages caprins français (61 %). Le dispositif mis en place visait ainsi à répondre à la question : « Quels types de systèmes d'élevages permettraient une meilleure autonomie en intrants, tout en maintenant des niveaux de production et de revenus acceptables ? ». Les objectifs étaient de limiter la consommation d'énergie fossile, réduire l'utilisation de produits de synthèse, tout en préservant la biodiversité et le bien-être animal. Nous avons fait l'hypothèse qu'une plus grande utilisation de l'herbe constituait une des solutions pour atteindre ces objectifs. Nous avons ainsi évalué sur le long terme trois systèmes de polycultures-élevage, comprenant chacun un troupeau de 60 chèvres de race Alpine et 10,5 hectares attribués de façon définitive : un système pâturant (SP) avec une période de reproduction saisonnée (mise-bas en février), et deux systèmes dont la période de reproduction est en contre-saison (mise bas en octobre), l'un pâturant (DP) et l'autre en chèvrerie, dont la ration est à base de foin séché en grange (DB). Une évaluation technico-économique des 3 systèmes a été réalisée à l'aide de l'outil DIAPASON, la campagne débutant au 1<sup>er</sup> septembre de l'année N-1 jusqu'au 31 août de l'année N. Les résultats obtenus sur la période 2018-2023 montrent que les 3 systèmes ont atteint l'objectif d'autonomie alimentaire massive fixé à 80 % à l'échelle de l'exploitation (84 % en moyenne pour le système DB vs 83 % pour les 2 systèmes pâturant). Alors que la part de fourrages dans la ration est en moyenne de 53 % en fermes commerciales, elle atteint 68 % pour les systèmes conduits en contre-saison, et même 70 % pour le système SP. La production de matière utile annuelle a été supérieure pour le système SP par rapport aux systèmes conduits en contre-saison (342 vs 312 kg/ha en moyenne), elle dépasse ainsi l'objectif fixé à 330 kg/ha. Certains indicateurs ont connu une amélioration progressive qui a permis d'atteindre l'objectif initial à partir des campagnes 2022 et 2023 (ex : quantité de concentrés utilisés). L'analyse se poursuit pour mesurer l'empreinte environnementale, à l'aide de l'outil CAP2ER, ainsi que les performances économiques. Les premiers résultats indiquent une émission nette des GES qui reste élevée, ce qui constitue encore un point faible pour la filière caprine pour atteindre la triple performance en matière de durabilité. La baisse de l'empreinte environnementale passera probablement par une reconception plus profonde des systèmes et permettra ainsi de mieux répondre aux enjeux de durabilité et à la transition agroécologique des élevages de chèvres laitières.

**Mots-clés :** chèvre, herbe, pâturage, autonomie alimentaire, système, empreinte environnementale

## Les porcs les plus performants n'ont pas toujours la plus faible empreinte environnementale

**Auteur – Orateur :** Florence Garcia-Launay

**Unité :** 1348 PEGASE

**Liste complète des auteurs :** Estelle Janodet (GenPhySE), Hélène Gilbert (GenPhySE), Ludovic Brossard (PEGASE), David Renaudeau (PEGASE), Florence Garcia-Launay (PEGASE)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 3 – Priorité 3

### Résumé :

Dans les élevages européens, les porcs sont le plus souvent engraisés avec des aliments très digestibles et riches en énergie. Or, la production des aliments pour les animaux contribue largement aux impacts environnementaux en sortie de ferme. Pour réduire cette empreinte, l'utilisation de matières premières (MP) plus diversifiées et souvent moins digestibles a été proposée (Bikker et Jansman, 2023). En parallèle, l'amélioration génétique a sélectionné des porcs plus maigres, avec une croissance rapide et une meilleure efficacité alimentaire, réduisant potentiellement les impacts environnementaux de la production porcine (Soleimani et al., 2020).

Cependant, les porcs ayant les meilleures performances de croissance et d'efficacité alimentaire sont-ils aussi les meilleurs sur le plan environnemental, indépendamment des MP utilisées pour les nourrir ? Nous avons exploré cette question dans un système conventionnel français utilisant un panier de MP standard. Notre hypothèse était que le classement des porcs sur leurs impacts varie selon que les aliments sont formulés pour répondre aux besoins du porc moyen de la population ou à ceux de chaque porc évalué. Nous avons utilisé un modèle individu-centré de l'atelier d'engraissement (Cadéro et al., 2018) et les données expérimentales de 732 porcs Large White de lignée maternelle élevés à la station de testage de l'UE3P. Chaque porc a été caractérisé avec l'outil InraPorc® par son profil, appelé profil parent. Pour chaque profil parent, une population de 1000 profils fils a été générée (Vautier et al., 2013). Ainsi, 732 bandes de 1000 porcs ont été simulées avec des aliments croissance et finition formulés pour répondre soit aux besoins du profil parent soit à ceux d'un profil moyen pour les 732 porcs. Les résultats technico-économiques et les impacts environnementaux calculés par Analyse de Cycle de Vie des 1000 profils fils de chaque simulation ont été agrégés pour caractériser chaque profil parent.

Les deux modalités testées ont conduit à un reclassement modéré des porcs sur les critères technico-économiques, mais un reclassement plus marqué pour les impacts sur le changement climatique, l'eutrophisation d'eau douce, l'utilisation de ressources fossiles et l'occupation des terres, confirmant notre hypothèse. Les porcs aux impacts les plus faibles étaient plus efficaces, avec des besoins en acides aminés digestibles (AA<sub>dig</sub>) en début d'engraissement modérés, nécessitant des aliments à plus faibles impacts. Les porcs aux besoins AA<sub>dig</sub> élevés étaient également efficaces, mais des MP à fort impact étaient plus utilisées pour couvrir leurs besoins, augmentant leur empreinte environnementale. Pour les porcs aux plus faibles besoins AA<sub>dig</sub>, le bénéfice d'aliments à plus faibles impacts était annulé par des performances de croissance inférieures, résultant en des impacts plus élevés. Ainsi, les porcs ayant les meilleures performances techniques ne sont pas toujours ceux qui ont les plus faibles impacts environnementaux.

### Références bibliographiques :

Bikker, P., Jansman, A.J.M., 2023. Review: Composition and utilisation of feed by monogastric animals in the context of circular food production systems. *Animal* 17, 100892.

Cadéro, A., Aubry, A., Brossard, L., Dourmad, J.Y., Salaün, Y., Garcia-Launay, F., 2018. Modelling interactions between farmer practices and fattening pig performances with an individual-based model. *Animal* 12, 1277-1286.

Soleimani, T., Gilbert, H., 2020. Evaluating environmental impacts of selection for residual feed intake in pigs. *Animal* 14, 2598-2608.

Vautier, B., Quiniou, N., van Milgen, J., Brossard, L., 2013. Accounting for variability among individual pigs in deterministic growth models. *Animal* 7, 1265-1273.

**Mots-clés :** approche multi-échelle, évaluation environnementale, phénotypage, porc, modélisation individu-centrée.

## Le transfert extracellulaire d'électrons est-il un acteur ignoré de la production de méthane dans l'écosystème du rumen ?

**Auteur – Orateur :** Milka Popova

**Unité :** UMRH 1213

**Liste complète des auteurs :** A. Ortiz-Chura<sup>1</sup>, M. Popova<sup>1</sup>, D.P. Morgavi<sup>1</sup>;

<sup>1</sup>Université Clermont Auvergne, INRAE, VetAgro Sup, UMR Herbivores, Saint-Genes-Champanelle, France.

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 3 – Priorité 3

### Résumé :

Les microbes hydrogénéogènes et hydrogénotrophes (principalement les méthanogènes) du rumen établissent une collaboration trophique par le biais d'un transfert d'électrons ( $e^-$ ) inter-espèces qui est médié par des transporteurs d' $e^-$  solubles. Cependant, la présence dans le rumen de mécanismes de transfert d' $e^-$  sans transporteurs, présents dans d'autres environnements méthanogènes non intestinaux, n'est pas connue. Pour révéler ces mécanismes, nous avons émis l'hypothèse que des matériaux conducteurs (CM) enrichiraient les microbes liés au transfert extracellulaire d' $e^-$  (TEE) et entraîneraient une augmentation de la production de méthane ( $CH_4$ ). Des cultures consécutives en batch (CCB) et des incubations *in sacco* dans le rumen ont été utilisées pour explorer cette hypothèse. Dix séries de 72 h d'incubations de CCB, contenant les CM graphène (GPH) et magnétite (MGN) ou contrôle (CTL sans CM) dans des milieux de culture supplémentés avec des substrats solides ou solubles ont été réalisées en triple. Dès la troisième série d'incubation, les cultures se sont stabilisées et, par rapport au CTL, la production de  $CH_4$  a augmenté de 40% ( $P < 0,001$ ) dans GPH et MGN, quel que soit le substrat.

Des changements microbiens majeurs ont été observés dans le substrat soluble, où le CM s'est enrichi de microbes qui étaient peu ou pas détectés dans le CTL et l'inoculum initial. *Methanomicrobium mobile* et *Prevotella heparinolytica* ont été multipliés par trois dans le MGN, tandis que *Desulfovibrio desulfuricans* a été multiplié par quatre dans le GPH. En présence des deux CM, les bactéries *Treponema\_D bryantii*, *Clostridium\_G cochlearium*, *Succinivibrio hippie\_B* et *Synergistes jonesii* ont vu leurs abondances doublées. La construction de MAGs (metagenome-assembled genomes ou espèces métagénomiques), réalisée sur le GPH et le MGN à l'incubation n°10, a montré que les protéines cytochromes et pili, qui peuvent être impliquées dans le TEE, ont été détectées dans les espèces bactériennes enrichies. Des bactéries adhérentes récupérées sur des membranes contenant du CM incubé *in sacco* dans le rumen de quatre moutons ont confirmé l'enrichissement en *Treponema\_D bryantii* et *Prevotella*. L'augmentation de la production de  $CH_4$  et la présence de gènes associés au TEE dans les espèces enrichies suggèrent que ce mécanisme se produit dans l'écosystème microbien du rumen.

**Mots-clés :** transfert d'électron, méthane, microbes, ruminants

# Investigation multi-omique pour déchiffrer les relations hôte-microbiote chez les bovins laitiers dans le contexte de l'atténuation du méthane

**Auteur – Orateur :** Simon Roques

**Unité :** UMRH 1213

## Liste complète des auteurs :

Simon Roques<sup>1</sup>, Jeremy Tournayre<sup>1</sup>, Benedict Yanibada<sup>2</sup>, Cécile Martin<sup>1</sup>, Maguy Eugène<sup>1</sup>, Hamid Boudra<sup>1†</sup>, Diego Morgavi<sup>1</sup> & Milka Popova<sup>1</sup> <sup>1</sup>Université Clermont Auvergne, INRAE, VetAgro Sup, UMR Herbivores 1213, Saint-Genès-Champanelle, Clermont-Ferrand, France <sup>2</sup>Toxalim (Research Centre in Food Toxicology), Toulouse University, INRAE UMR 1331, ENVT, INP-Purpan, UPS, Toulouse, France

<sup>†</sup>Researcher retired

## Grand Objectif scientifique :

GOS 3 – Priorité 3

## Résumé :

Les ruminants produisent de grandes quantités de méthane, un puissant gaz à effet de serre. Cette production est naturelle chez les ruminants mais constitue une menace pour l'environnement. Cependant, les ruminants sont aussi d'excellents convertisseurs de matière végétale non comestible pour l'homme en protéines abordables et nutritives. Par conséquent, des stratégies combinant à la fois la réduction des émissions de méthane et l'amélioration de l'efficacité de la production sont attendues. La stratégie la plus réussie à ce jour est la supplémentation alimentaire avec des inhibiteurs spécifiques de la méthanogenèse tels que le 3-NOP mais l'inhibition directe de la méthanogenèse n'est pas associée à un gain d'énergie pour l'hôte. Ainsi, la question demeure de savoir pourquoi l'inhibition du méthane dans le rumen n'améliore pas l'utilisation de l'énergie chez l'hôte. L'objectif de cette étude est de comprendre l'interaction entre le microbiote du rumen et le métabolisme de l'hôte pendant l'inhibition de la méthanogenèse afin de formuler des hypothèses sur le devenir de l'énergie lorsque la production de méthane est inhibée.

Des vaches Holstein primipares ont été nourries avec le même régime avec (3-NOP, n = 12) ou sans (CTL, n = 13) 3-NOP pendant six semaines. Des échantillons de plasma ont été utilisés pour évaluer le métabolome de l'hôte, et des échantillons de jus de rumen ont été utilisés pour étudier la taxonomie microbienne du rumen et l'expression génique par la métagénomique et la métatranscriptomique. Des méthodes originales ont été utilisées pour normaliser les transcrits par l'abondance des gènes avant de les intégrer avec la taxonomie microbienne et les caractéristiques discriminantes du métabolome de l'hôte dans une analyse multi-blocs de régressions PLS parcimonieuses (MB-sPLS) pour identifier les relations entre le microbiote du rumen et le métabolome de l'hôte.

La métatranscriptomique, seule ou normalisée par les données de la métagénomique, a montré une séparation des individus 3-NOP et CTL dans une analyse en composantes principales préliminaire, mais pas la taxonomie ni la métagénomique seules. L'analyse MB-sPLS avec les caractéristiques métabolomiques discriminantes comme bloc cible a séparé les deux groupes sur la base des transcrits normalisés et des caractéristiques taxonomiques qui covariaient avec les caractéristiques métabolomiques. Un réseau a été construit sur la base de la corrélation des variables sélectionnées de chaque bloc. Le réseau était centré sur les métabolites de l'hôte tels que la sérine, la glycine et la méthionine, ainsi que sur des taxons du rumen incluant Bacteroidales, Acetivibacteraceae et Christensenellales. Les transcrits normalisés qui composaient également le réseau comprenaient des transcrits pour la méthanogenèse (réductase du méthyl-coenzyme M, ferredoxine), la production d'hydrogène (glycéraldéhyde-3-phosphate déshydrogénase) et la synthèse des protéines microbiennes (facteurs d'élongation). La nouveauté de notre étude réside dans l'association entre les enzymes de la synthèse des protéines microbiennes avec celles de la production de méthane dans le rumen et le métabolisme des monocarbones chez l'hôte. Ces résultats suggèrent que l'inhibition de la méthanogenèse affecte également la synthèse des protéines microbiennes dans le rumen. Cela pourrait expliquer la modification du métabolisme de l'hôte, bien qu'une vue d'ensemble complète de ces résultats reste à établir.

**Mots-clés :** relations hôte-microbiote, émissions de méthane, Omics, Ruminants

# Compromis environnementaux de la diminution de la fraction de protéines animales dans l'alimentation de la population française

**Auteur – Orateur :** Joël Aubin

**Unité :** UMR 1069 SAS

## Liste complète des auteurs :

Joël Aubin UMR SAS, Florent Vieux MS Nutrition, Samuel Le Féon UMR SAS, Marion Tharrey UMR MOISA, Jean-Louis Peyraud UMR PEGASE, Nicole Darmon UMR MOISA

## Grand Objectif scientifique :

GOS 3 – Priorité 4

## Résumé :

Il y a consensus sur la nécessité de réduire la part de protéines animale afin de faire évoluer les régimes alimentaires des humains vers une alimentation plus durable et plus saine. Notre étude visait à évaluer les effets potentiels sur l'environnement des régimes alimentaires comportant une plus faible part de protéines animales. Les régimes ont été modélisés en incluant une part minimale de protéines animales dans les protéines totales, tout en respectant les besoins nutritionnels et sans augmenter les coûts par rapport au régime observé (OBS). Ils ont été modélisés pour cinq sous-populations d'adultes (définies par le sexe et l'âge) par optimisation mathématique, en combinant la base de données INCA2 (pour les régimes OBS dans la population française) et une base de données de 207 produits alimentaires pour ajuster les paramètres nutritionnels et de prix. Tous les régimes modélisés ont satisfait aux contraintes nutritionnelles et de coût, sans s'éloigner drastiquement des habitudes alimentaires des français. Un régime pauvre en protéines animales (LAP) a été identifié pour chaque sous-population en diminuant par paliers de 5 % les protéines animales, jusqu'à la limite de satisfaction des besoins nutritionnels. Un régime LAP pour l'ensemble de la population a été calculé comme une moyenne pondérée des régimes LAP des sous-populations. Les impacts environnementaux des régimes LAP ont été calculés par analyse du cycle de vie (ACV) selon huit catégories d'impacts, en utilisant la base de données Agribalyse® 3.0. Dans cette étude a été introduit un impact sur la biodiversité associée à l'utilisation des terres, en modifiant les bases de données et les méthodes de caractérisation selon la méthode de Knudsen et al. (2017). La part des protéines animales est passée de 70 % dans le régime OBS à 50 % dans le régime LAP. Par rapport au régime OBS, le régime LAP a permis de réduire cinq impacts environnementaux : le changement climatique, l'acidification et l'occupation des terres (tous de plus de 30 %), la demande énergétique cumulée (de 23 %) et l'eutrophisation marine (de 13 %). À l'inverse, elle a augmenté trois impacts environnementaux : l'eutrophisation de l'eau douce et l'utilisation de l'eau (d'environ 40 % dans les deux cas) et le potentiel de dommages à la biodiversité (de 66 %). Ces résultats suggèrent que la réduction de la part des protéines animales à 50 % est compatible avec les besoins nutritionnels, les contraintes en matière d'accessibilité financière et de consommation, mais qu'elle aurait des effets contrastés sur l'environnement.

## Références bibliographiques :

Aubin, J., Vieux, F., Le Féon, S., Tharrey, M., Peyraud, J.L., Darmon, N., 2024. Environmental trade-offs of meeting nutritional requirements with a lower share of animal protein for adult subpopulations. *animal*, 101182.

<https://doi.org/10.1016/j.animal.2024.101182>

Knudsen, M.T., Hermansen, J.E., Cederberg, C., Herzog, F., Vale, J., Jeanneret, P., Sarthou, J.P., Friedel, J.K., Balazs, K., Fjellstad, W., Kainz, M., Wolfrum, S., Dennis, P., 2017. Characterization factors for land use impacts on biodiversity in life cycle assessment based on direct measures of plant species richness in European farmland in the 'Temperate Broadleaf and Mixed Forest' biome. *The Science of the total environment*. 580, 358-366.

<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2016.11.172>

**Mots-clés :** Analyse du Cycle de Vie, régime alimentaire, protéines animales, biodiversité, utilisation de l'eau, changement climatique

## Flux de biomasse, azote et énergie de systèmes agri-alimentaires : le cas de l'Oust à Brocéliande communauté

**Auteur – Orateur :** Souhil Harchaoui

**Unité :** UMR 1069 SAS

**Liste complète des auteurs :** Léopold Iachkine<sup>1</sup>, Olivier Godinot<sup>1</sup>, Claudine Thenail<sup>2</sup>, Anne-Isabelle Graux<sup>3</sup>, Denis Follet<sup>4</sup>, Valérie Viaud<sup>1</sup>, Souhil Harchaoui<sup>1</sup>

<sup>1</sup>INRAE, Institut Agro, SAS; <sup>2</sup>UMR BAGAP; <sup>3</sup>UMR PEGASE; <sup>4</sup>Chambre Régionale d'Agriculture de Bretagne

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 3 – Priorité 4

### Résumé :

Les régions d'élevage intensif sont souvent associées à des surplus d'azote importants issus des systèmes agri-alimentaires<sup>1</sup>. Les transitions agricoles nécessitent de trouver un équilibre dans le rôle des systèmes d'élevage entre la production de protéines à haute valeur nutritive, de matières fertilisantes et d'émissions polluantes. Or, les systèmes d'élevage sont actuellement confrontés à deux tendances contradictoires : d'une part une littérature convergente prônant une réduction et une homogénéisation spatiale de leur présence en les intégrant davantage aux systèmes de cultures, et d'autre part un déclin de l'élevage suscitant des interrogations chez les acteurs territoriaux quant à l'avenir de l'agriculture.

Notre étude vise à élaborer un cadre d'évaluation intégrée adapté à l'échelle d'un territoire agricole, échelle d'organisation encore peu explorée, afin de décrire les flux d'azote et d'énergie actuels. Ce cadre s'inscrit dans une perspective de co-construction collective, de partage et d'appropriation des connaissances avec les agriculteurs et les acteurs territoriaux. Notre problématique émerge autour de deux questions principales de recherche : quelles sont les ressources desquelles les systèmes d'élevage (ruminants et monogastriques) dépendent, et quels sont les principaux leviers du métabolisme agricole territorial pour améliorer la circularité des flux d'azote et son bilan énergétique?

Notre étude s'appuie sur l'analyse de flux de matière pour caractériser de manière couplée les flux d'azote et d'énergie. Notre quantification s'appuie sur la combinaison des données du recensement agricole et des déclarations de flux d'azote agrégées à l'échelle de la communauté de commune. Le territoire d'étude est la communauté de l'Oust à Brocéliande (SAU de 37 300 ha dans le Morbihan), où l'élevage bovin laitier est en déclin.

Nous montrons que l'efficacité d'utilisation d'azote (NUE) à l'échelle du territoire (Fig 1a) est de 49% avec un surplus de 144 kgN·ha<sup>-1</sup> et dont plus 54% provient des systèmes d'élevage. Notre analyse met en évidence l'impact de la couverture des sols et de la gestion des couverts intermédiaires, qui permet d'augmenter la NUE du système de 3%. Ce système agri-alimentaire repose sur un investissement énergétique de l'ordre de 102 GJ ha<sup>-1</sup> (Fig 1b) avec plus de 95% de dépendance aux énergies fossiles alors que les méthaniseurs construits sur le territoire couvrent seulement 3% de l'énergie investie. Les résultats confirment, à l'échelle territoriale, que les systèmes d'élevage ont un rôle critique dans la circularité des flux d'azote et le fonctionnement énergétique. Nous comparons des indicateurs de circularité avec d'autres territoires étudiés et discutons de plusieurs scénarios de transitions.

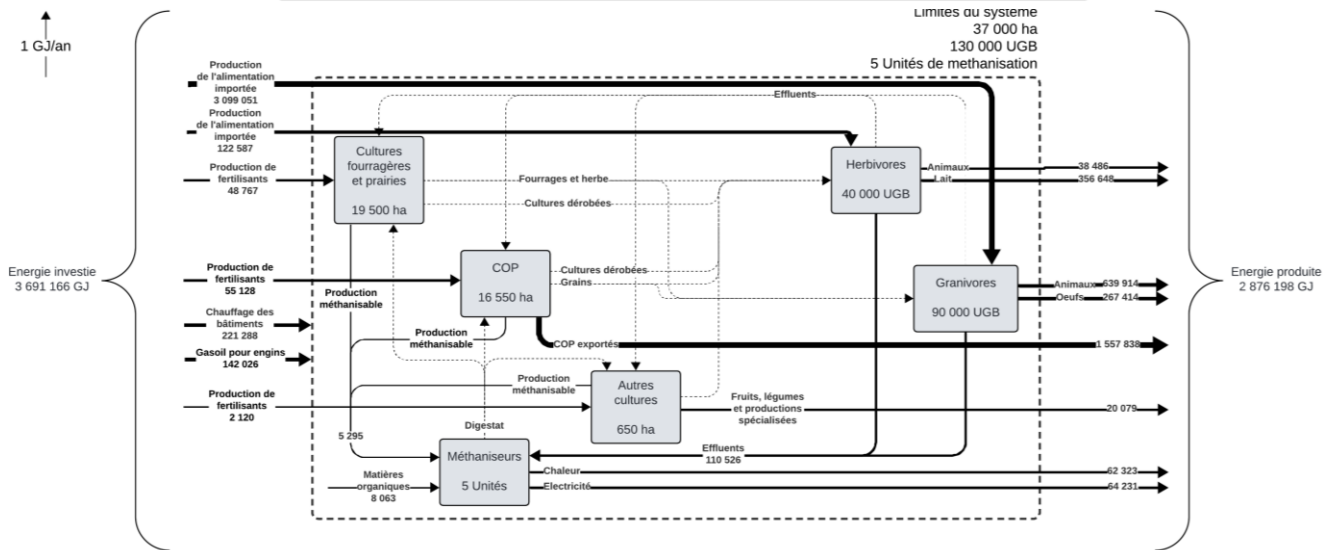
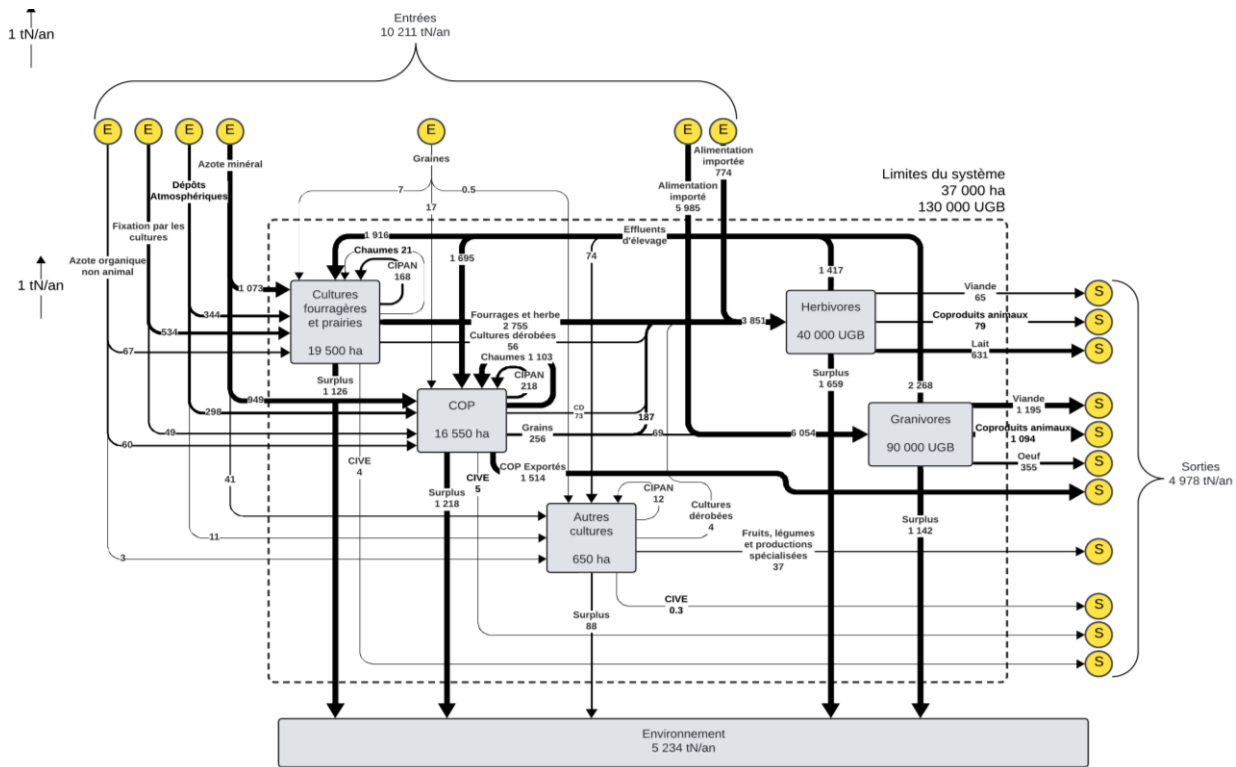
Ce cadre d'évaluation métabolique permet d'explorer plusieurs scénarios éclairant les synergies et antagonismes entre l'autonomie fourragère, territoriale et énergétique des systèmes agro-alimentaires.

### Références bibliographiques :

1. van der Wiel, B. Z. *et al.* Restoring nutrient circularity: A review of nutrient stock and flow analyses of local agro-food-waste systems. *Resour. Conserv. Recycl.* **160**, 104901 (2020).

**Mots-clés :** circularité, autonomie, métabolisme territorial, azote, énergie, élevage





**Fig 1. Schématisation du métabolisme agricole de la communauté de l'Oust à Brocéliande a. Flux d'azote exprimés en  $tN \cdot an^{-1}$  et b. Flux d'énergie exprimés en  $GJ \cdot an^{-1}$**

# Modélisation des interactions au sein des élevages bovins laitiers par une méthode statistique basée sur les copules

**Auteur – Orateur :** N. Ouachene

**Unité :** 1069 UMR SAS

**Liste complète des auteurs :** T. Senga Kiessé UMR SAS, M. S. Corson UMR SAS

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 3 – Priorité 4

## Résumé :

Dans un contexte de changement climatique, un enjeu majeur réside dans l'élaboration de stratégies d'atténuation des émissions de gaz à effets de serre des exploitations agricoles (Dumont et al. 2017). Une modélisation précise des multiples interactions qui surviennent entre les pratiques de gestion et le contexte agricole des fermes peut contribuer à l'amélioration des performances environnementales des fermes, puisque ces interactions influencent les émissions qui en résultent, ce qu'illustrent par exemple, les modèles Pasim pour les prairies (Graux et al 2013) et IFSM pour les fermes (Rotz et al. 2012). Dans ce but, nous explorons une approche statistique basée sur les « copules » (Senga Kiessé et al. 2022), capable de cartographier des dépendances complexes grâce à une représentation graphique basée sur une structure en arbre. La méthode a été appliquée sur un jeu de données incluant diverses pratiques de gestion, des émissions ainsi que la productivité, d'une multitude de fermes laitières françaises enquêtées en 2013 par l'Institut de l'Élevage (avec l'outil CAP'2ER®). Toutes fermes confondues, les résultats ont montré une forte dépendance entre les émissions de méthane dues à la gestion des effluents et la production laitière, puisque les stratégies pour obtenir cette production influencent à la fois la gestion du troupeau et le type des effluents. Lorsque l'on regroupe les fermes en fonction de leur production laitière, les résultats ont montré des changements au sein des dépendances. Par exemple, tandis qu'une forte dépendance entre la production laitière et le total de matière sèche ingérée est trouvée pour les fermes les plus extensives, la dépendance la plus forte pour les fermes plus intensives est partagée par la production laitière et les émissions de méthane. L'approche utilisée propose ainsi une nouvelle manière de décrire les dépendances complexes, y compris entre valeurs extrêmes, au sein d'un ensemble de variables descriptives des fermes. Elle permet d'améliorer la compréhension des effets de diverses pratiques de gestion en fonction du contexte de chaque ferme.

## Références bibliographiques :

Dumont, B., Dupraz, P., Ryschawy, J., Donnars, C.: Multiple services and impacts from European livestock farming. *INRA Productions Animales* 30(4), 271–421 (2017)

Graux, A.-I. Bellocchi G. Lardy R., Soussana J.-F.: Ensemble modelling of climate change risks and opportunities for managed grasslands in France. *Agriculture and Forest Meteorology* 170, 114-131 (2013)

Rotz CA, Corson MS, Chianese DS, et al (2012) The Integrated Farm System Model. USDA ARS Washington, DC Senga Kiessé, T., Heijungs, R., & Corson, M. S. (2022). Modeling production efficiency and greenhouse gas objectives as a function of forage production of dairy farms using copula models. *Environmental Modeling & Assessment*, 27(3), 413-424

**Mots-clés :** interactions, modélisation statistique, ferme laitière, pratique de gestion, performance environnementale

## INRAE-EVs Network : les vésicules extracellulaires..? Ça bouge à INRAE !

**Auteur – Orateur :** Laurent Galio

**Unité :** UMR 1198 BREED

**Liste complète des auteurs :** Laurent Galio<sup>1</sup>, Sophie Rome<sup>2</sup>

1- UMR-1198 BREED France 2- CarMeN (AlimH)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 4 – Priorité 1

### Résumé :

Suite au constat d'un manque de représentativité des thématiques d'étude de notre institut dans les congrès sur les vésicules extracellulaires (ISEV et FSEV), une initiative de réseau INRAE inter-départements sur les vésicules extracellulaires (EVs) a pris forme il y a environ un an, avec Sophie Rome (AlimH). Ce réseau vise à faciliter les échanges et la visibilité entre scientifiques travaillant sur les vésicules dans le cadre de leurs thématiques INRAE.

Une première réunion a donc été organisée le 29 septembre 2023, sur le thème des vésicules extracellulaires à INRAE. Cette journée d'animation a été un réel succès et a réuni une quarantaine de scientifiques de plusieurs départements qui ont exposé leurs travaux et pu discuter avec des mentors du domaine. En nous appuyant sur cette dynamique, nous avons décidé de créer un site web qui sera une vitrine de ce qui se fait à INRAE dans ce domaine de recherche. Ce site est ouvert depuis le 20 juin 2024, au niveau national et international.

Ce site web liste les scientifiques impliqués, leurs publications, leurs projets de recherche financés (ANR/Europe) et permettra ainsi de mieux se connaître, de proposer des actions collectives, ou de collaborer au sein de l'institut. Il sert aussi à montrer, au niveau international, les spécificités des thématiques de l'institut en lien avec la recherche sur les vésicules extracellulaires. Au sein d'INRAE, il permettra aussi à nos instances de mieux connaître ce thème de recherche novateur.

Pour la construction de ce site, nous avons notamment recensé les publications sur les EVs signées par des scientifiques d'INRAE. Près de 150 articles ont été publiés dans de nombreux domaines très variés, allant de la méthodologie, à la microbiologie, en passant par la physiologie (métabolisme, thrombose, athérosclérose, reproduction, virologie, cancer, neurobiologie, nutrition, immunologie/inflammation, lait...), les plantes ainsi que l'environnement. Cette thématique pourrait concerner les GOS 1, 2, 3 & 4 du schéma stratégique du département Phase.

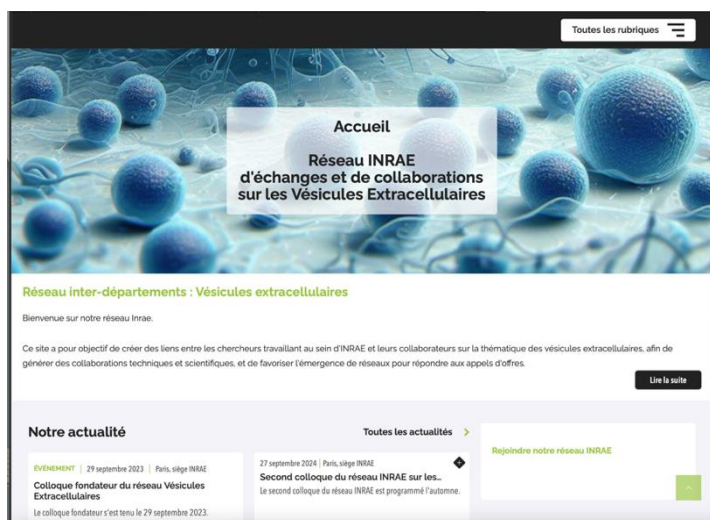
Notre site permettra aux collègues commençant à s'intéresser aux EVs de trouver des personnes au sein de notre institut, avec qui discuter pour développer leurs thématiques et établir des collaborations.

L'adresse du site est la suivante:

<https://evs.hub.inrae.fr/>

Dans cet optique, afin de faciliter les échanges, une seconde réunion se déroulera le 27 septembre au siège d'INRAE. Comme lors de la première réunion nous ferons une matinée de plénières et l'après-midi nous laisserons la parole à ceux qui veulent communiquer sur leur recherche concernant les EVs (projets acceptés, nouveaux résultats, thèses en cours, souhait de collaborations...) sous un format plus court (10 min+5 min de questions).

### Références bibliographiques :



<https://evs.hub.inrae.fr/content/download/164/1617?version=1>

**Mots-clés :** vésicules extracellulaires, réseau, inter-département

# Mécanismes de prise de masse musculaire chez la truite : couplage entre métabolisme mitochondrial et synthèse protéique

**Auteur – Orateur :** Béatrice CHABI

**Unité :** UMR 0866 DMEM

## Liste complète des auteurs :

Béatrice CHABI<sup>1</sup>, Frédéric Terrier<sup>2</sup>, Franck Sandres<sup>2</sup>, Anthony Lanuque<sup>2</sup>, Jean-Charles Gabillard<sup>3</sup>, Iban Seliez<sup>2</sup> et Vincent Ollendorff<sup>1</sup>.<sup>1</sup>UMR DMEM, Montpellier, France. <sup>2</sup>UMR NuMEA, Saint Pée sur Nivelle, France. <sup>3</sup>LPGP, Rennes, France.

## Grand Objectif scientifique :

GOS 4 – Priorité 1

## Résumé :

Le maintien et la croissance du tissu musculaire requièrent un contrôle aigu de la balance protéique qui résulte d'un équilibre dynamique entre les voies de synthèse protéique et celles de la protéolyse, toutes deux coûteuses en énergie pour l'organisme.

Les mitochondries consomment l'oxygène et assurent la conversion des nutriments en énergie sous forme d'ATP. Elles jouent également un rôle important dans les adaptations métaboliques musculaires à court et long terme en lien avec le régime nutritionnel. Nos travaux récents chez la souris indiquent que le couplage entre métabolisme énergétique mitochondrial et synthèse protéique est un élément-clé pour la régulation de la balance protéique et la prise de masse du muscle squelettique (1). Dans le cadre du projet MITOPROT FM, nous avons fait l'hypothèse que ce couplage pourrait stimuler la synthèse protéique et favoriser la croissance de la masse musculaire des poissons d'élevage tels que la truite arc-en-ciel, qui présente une forte plasticité musculaire et une croissance continue.

Deux groupes de truites ont été nourris avec deux régimes contenant des quantités différentes de protéines digestibles issues de farines et huile de poissons (low (LP) vs. high (HP) protein) pour une période de 6 semaines, et nous avons évalué sur tissu frais, l'activité mitochondriale (i.d. couplage respiratoire) et la synthèse protéique de novo dans le muscle blanc 6h et 16h après le dernier repas. Comme attendu, les truites sous régime HP présentent une croissance plus importante (+25%) que les truites sous régime LP, avec une augmentation de l'accrétion protéique dans le muscle (+22%). De façon surprenante, le muscle des truites alimentées avec le régime LP présente un meilleur couplage respiratoire mitochondrial associé à une synthèse protéique de novo plus élevée et ceci indépendamment de la cinétique de la prise alimentaire. Les truites sous régime HP, dont la synthèse protéique musculaire est diminuée malgré l'accrétion protéique positive, ont en revanche une synthèse protéique hépatique supérieure (+70%).

Ces premiers résultats suggèrent que la prise de masse musculaire chez la truite met en jeu des mécanismes plus complexes que le simple couplage entre mitochondries et réticulum dans le tissu musculaire, qui incluraient notamment un dialogue métabolique entre le muscle et le foie. Dans ce sens, des données de la littérature montrent notamment une corrélation positive entre le rendement mitochondrial hépatique (ATP produit/oxygène consommé), la synthèse protéique musculaire et la croissance des truites brunes (2).

En complément de ces mesures fonctionnelles, des analyses métaboliques, enzymatiques et transcriptomiques du tissu musculaire sont en cours afin de préciser les déterminants de ce couplage.

A terme, l'ambition de ce projet sera d'identifier des leviers pertinents issus de l'étude de ces mécanismes pour favoriser la croissance musculaire des truites en lien avec les récentes stratégies nutritionnelles durables.

## Références bibliographiques :

1-Britto F. A., et al (2018). "Glucocorticoid-dependent REDD1 expression reduces muscle metabolism to enable adaptation under energetic stress." *BMC Biol* 16(1): 65

2-Salin K. et al (2019). "Differences in mitochondrial efficiency explain individual variation in growth performance." *Proc Biol Sci.* 2019 Aug 28;286(1909):20191466.

**Mots-clés :** Truites arc-en-ciel, croissance, muscle squelettique, mitochondrie, synthèse protéique

## ESTHER, la base de données et le serveur dédiés à l'analyse des séquences de protéines au sein de la superfamille des cholinestérases apparentées

**Auteur – Orateur :** Arnaud Chatonnet – Vincent Ollendorff

**Unité :** UMR 0866 DMEM

### Liste complète des auteurs :

Arnaud CHATONNET<sup>1</sup>, Zhou YU<sup>2</sup>, Nicolas ROCHE<sup>2</sup>, Pascale MARCHOT<sup>3</sup> 1Dynamique du Muscle et Métabolisme (DMEM), INRAE Montpellier France. 2Terre Nourricière, 26, allée de Mycènes, Montpellier, France. 3Architecture et Fonction des Macromolécules Biologiques (AFMB), CNRS/Aix-Marseille Univ., Faculté des Sciences - Campus Luminy, Marseille, France

### Grand Objectif scientifique :

GOS 4 – Priorité 1

### Résumé :

Pour des raisons de sécurité informatique, la base de données ESTHER, dédiée aux ESTérases et aux enzymes alpha/beta hydrolases et apparentées, avec en tête les cholinestérases, a basculé vers un nouveau système d'exploitation en avril 2024. Après 30 ans d'utilisation du système de base de données ACEDB, nous avons dû repartir de zéro pour garantir la qualité de la transition. Grâce à la robustesse du modèle et de la structure des données, la procédure s'est relativement bien déroulée et la plupart des données et outils sont désormais à nouveau opérationnels. ESTHER connaît une croissance rapide : elle contient aujourd'hui env. 70.000 gènes-protéines, regroupés en 247 familles [1,2]. En 2024, le nombre de structures 3D disponibles dans la base PDB a atteint 3 000, correspondant à 739 protéines distinctes validées comme membres de la superfamille. Il existe 143 familles dans lesquelles au moins une structure 3D est connue, et de nouvelles familles sont régulièrement ajoutées à la superfamille. Pour le génome humain, 120 gènes appartiennent à 59 familles décrites dans la base de données. Une structure 3D n'est disponible que pour 51 protéines codées par ces gènes, tandis que des mutations associées à une maladie sont retrouvées dans 35 gènes. Les 768 mutations publiées dans les protéines appartenant au Bloc C (Carboxylesterase, Cholesterol\_esterase, Cholinestérase, Neuroligin, Thyroglobulin...) correspondent à 341 positions dans la séquence protéique de l'acétylcholinestérase Torpedo (*Tetronarce californica*) utilisée comme référence. 112 mutations distinctes des gènes de l'acétylcholinestérase ou des carboxylestérases ont été décrites dans des populations résistantes aux insecticides de 43 espèces d'arthropodes [3]. La nouvelle version du serveur web avec une présentation améliorée et de nouveaux outils est disponible sur <http://bioweb.supagro.inrae.fr/ESTHER>. Les retours des utilisateurs sur cette ESTHER rajeunie seront les bienvenus.

### Références bibliographiques :

[1] Chatonnet et al. *Chem Biol Interact.* 2023, 383, 110671

[2] Lenfant et al. *Nucleic Acids Res.* 2004, 32, D145-7

[3] Hotelier et al. *J. Pestic. Sci.* 2010, 35, 315-20

**Mots-clés :** base de données, alpha/beta hydrolases, enzymes

## Signature de la lipolyse spontanée dans le lait de ruminants

**Auteur – Orateur :** Mylène Delosière

**Unité :** 1213 UMRH

**Liste complète des auteurs :** Mylène Delosière (UMRH), Laurence Bernard (UMRH), Catherine Hurtaud (PEGASE), Alyssa Imbert (UMRH), Maxime Guilleton (UMRH), Andréa Rau (GABI), Didier Viala (UMRH), Arnaud Delavaud (UMRH), Pauline Le Faouder (INSERM, MetaToul), Sylvain Emery (UMRH), Hélène Larroque (GenPhyse), Muriel Bonnet (UMRH), Christelle Cebo (GABI)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 4 – Priorité 1

**Résumé :**

La lipolyse du lait consiste en une dégradation des triacylglycérols par la lipoprotéine lipase (LPL) entraînant la libération d'acides gras libres qui altèrent les qualités organoleptiques du lait de ruminants en générant des arômes indésirables ainsi que ses propriétés technologiques. Dans l'ouest de la France, les éleveurs sont financièrement pénalisés lorsque le niveau de lipolyse s'élève au-delà du seuil fixé à 0,89 mEq/100 g de matière grasse. Malgré un impact économique pour la filière laitière, la lipolyse est peu étudiée. Il existe trois types de lipolyse (spontanée, induite et microbienne). La lipolyse spontanée, résultant de l'action de la LPL native du lait, est dépendante de l'animal et des facteurs d'élevage. Au niveau moléculaire, le système lipolytique est constitué de la LPL, une enzyme étroitement régulée dans le lait, de ses cofacteurs (activateurs et inhibiteurs) et du substrat (triglycérides contenus dans le globule gras et protégés par la membrane). Le programme LIPOMEC coordonné par Christelle Cebo (UMR GABI), soutenu par APIS-GENE (2017) et financé par l'ANR (2019-2024), a étudié la lipolyse spontanée du lait de ruminants afin d'en comprendre les mécanismes et de mieux la maîtriser. L'un des objectifs du projet était d'identifier des biomarqueurs précoces de la lipolyse spontanée et des régulateurs potentiels de la LPL dans les laits issus de bovins, ovins et caprins. Nous avons utilisé la restriction alimentaire comme levier pour générer des échantillons de lait contrastés en niveau de lipolyse. La restriction alimentaire a augmenté significativement la lipolyse dans le lait de vaches (Hurtaud et al., 2023), et inversement, réduit la lipolyse dans le lait de brebis (Bernard et al., 2024). Les laits de chèvres sont actuellement en cours d'analyse. Sur les laits de vaches, le protéome du lait écrémé et les valeurs d'activité *in vitro* de la LPL ont été analysés en combinant des méthodes statistiques uni- et multivariées pour identifier des protéines du lait écrémé impliquées dans la lipolyse spontanée. Nous avons identifié la CD5 molecule like (CD5L) et la Glycoprotéine 2 (GP2) comme biomarqueurs potentiels d'une lipolyse élevée dans le lait de vache. Nous avons également mis en évidence la présence de l'Apolipoprotéine A4 (APOA4) nécessaire à l'activation de la LPL dans les laits lipolisés (Delosière et al., 2023a). Les protéome et lipidome des membranes de globules gras des laits de vaches ont été analysés avec la même stratégie statistique, complétée d'une intégration multi-blocks. Nous avons identifié 14 lipides polaires et 20 protéines du lait comme signant la lipolyse du lait de vaches (Bernard et al., soumis). Des travaux similaires sont en cours sur les données issues des laits de brebis (Delosière et al., comm 2023b).

Les biomarqueurs potentiels de la lipolyse spontanée que nous proposons, dans le lait écrémé et dans la crème, seront à considérer dans les futurs outils de détection rapide et de gestion de la lipolyse du lait.

**Références bibliographiques :**

- Bernard L, Hurtaud C, Larroque H, Allain C, Parisot S and Cebo C 2024b. Feed restriction affects milk performances and decreases milk lipolysis in dairy ewes. *animal* 18, 101181.
- Bernard L, Delosière M, Hurtaud C, Imbert A, Viala D, Cebo C and Bonnet M. Submitted. Polar lipids and proteins in milk fat globule membranes as players in spontaneous lipolysis in cow's milk.
- Delosière M, Bernard L, Hurtaud C, Guilleton M, Viala D, Rau A, Bonnet M and Cebo C 2023a. Protein signatures of spontaneous lipolysis and lipoprotein lipase activity in cow's milk. *Journal of Proteomics* 285, 104951.
- Delosière M, Bernard L, Hurtaud C, Larroque H, Emery S, Delavaud A, Taillandier M, Le Faouder P, Bonnet M and Cebo C 2023b. Feed restriction in dairy ewes decreases milk lipolysis and remodels the milk proteome and lipidome. Communication, EAAP, August 2023, Lyon.

Hurtaud C, Bernard L, Boutinaud M and Cebo C 2023. Feed restriction as a tool for further studies describing the mechanisms underlying lipolysis in milk in dairy cows. *Animal - Open Space 2*, 100035.

**Mots-clés** : Ruminants laitiers, lipolyse, lipoprotéine lipase, matières grasses du lait, protéines du lait, biomarqueurs



# Combiner analyses statistiques intégratives et prédiction bioinformatique du sécrétome et du surfacéome pour comprendre le dialogue inter-organes

**Auteur – Orateur :** Jérémy Tournayre et Alyssa Imbert

**Unité :** 1213 UMRH

**Liste complète des auteurs :** Tournayre J. (UMRH), Imbert A. (UMRH), Mardoc E. (UMRH, GDEC) Broadbent J.A. (CSIRO, Australie), Byrne K.A. (CSIRO, Australie), Spechat B. (Herbipôle), Ortigues-Marty I. (UMRH), Cassar-Malek I. (UMRH), Goué N. (AuBi, UCA), Connault M. (AuBi, UCA), Boby C. (UMRH), Bonnet M. (UMRH)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 4 – Priorité 1

**Résumé :**

Le rapport de masse entre les tissus adipeux (TA) et musculaire est l'un des déterminants des performances de production et des capacités adaptatives des bovins à des changements environnants. Les connaissances actuelles suggèrent une priorisation ou une compétition pour la croissance des muscles comparativement à celle des TA, via une régulation du partage des nutriments impliquant notamment des interactions moléculaires entre ces deux tissus. Ces relations connaissent aujourd'hui un début de confirmations expérimentales mais restent mal connues<sup>1</sup>. Ainsi, nous avons fait l'hypothèse que le couplage entre (1) une annotation *in silico* du sécrétome et du surfacéome (ensemble de protéines potentiellement présentes à la surface des cellules d'un tissu) et des interactions entre les protéines de plusieurs tissus ; et (2) des analyses intégratives statistiques, identifierait des biomarqueurs du rapport entre les masses de muscle et de TA<sup>1-3</sup>.

Pour l'annotation, Talkmine<sup>2</sup> a été développé puis intégré à la suite logicielle ProteINSIDE<sup>4</sup>. En parallèle, une analyse intégrative multi-tissus a été réalisée via une multibloc sparse PLS<sup>5,6</sup> (MB-sPLS) du package R *mixOmics*<sup>7</sup> pour sélectionner les protéines les plus explicatives de la masse des TA et des muscles. Cette analyse intégrative a été appliquée aux protéomes, caractérisés par la méthode SWATH-MS<sup>8,9</sup>, des TA, muscle, foie et plasma de taurillons Charolais divergeant par le rapport entre la masse musculaire et adipeuse en réponse à des régimes différents.

A partir des protéines identifiées dans ces tissus, Talkmine a généré plusieurs graphes d'interaction entre protéines, par exemple celui représentant les 78 interactions protéiques entre le sécrétome du muscle (61 protéines) et le surfacéome du TA (58 protéines). Parmi les 70 protéines sélectionnées par la MB-sPLS, 19 sont associées à la masse musculaire et à celle du TA. Ces protéines sont mises en évidence dans les graphes issus de TalkMine. Parmi elles, la phosphatase 1A sécrétée par le muscle et le TA et présente dans le plasma, interagirait avec une protéine kinase AMP-dépendante présente à la surface des adipocytes et inhibitrice notamment de la synthèse des lipides. Le couplage des analyses statistiques intégratives et de la prédiction bioinformatique du sécrétome et du surfacéome a généré une méthode pour mieux comprendre le dialogue inter-organes *in silico* et orienter les investigations à réaliser *in vivo* ou *in vitro* pour l'étude du rôle de ces protéines dans la construction du rapport entre la masse musculaire et adipeuse ou sur les mécanismes à l'origine de l'hypertrophie des tissus.

**Références bibliographiques :**

(1) Bonnet, M.; Tournayre, J.; Cassar-Malek, I. Integrated Data Mining of Transcriptomic and Proteomic Datasets to Predict the Secretome of Adipose Tissue and Muscle in Ruminants. *Mol. Biosyst.* **2016**, *12* (9), 2722–2734.

<https://doi.org/10.1039/C6MB00224B>.

(2) Connault, M.; Tournayre, J.; Boby, C.; Bonnet, M.; Goué, N. Talkmine, a Workflow for the Prediction of the Interactions between Secretome and Surfaceome in the Dialogue between Cellular Types; 2021.

(3) Bonnet, M.; Kaspric, N.; Vonnahme, K.; Viala, D.; Chambon, C.; Picard, B. Prediction of the Secretome and the Surfaceome: A Strategy to Decipher the Crosstalk between Adipose Tissue and Muscle during Fetal Growth. *Int. J. Mol. Sci.* **2020**, *21* (12), 4375. <https://doi.org/10.3390/ijms21124375>.

- (4) Kaspric, N.; Picard, B.; Reichstadt, M.; Tournayre, J.; Bonnet, M. ProteINSIDE to Easily Investigate Proteomics Data from Ruminants: Application to Mine Proteome of Adipose and Muscle Tissues in Bovine Foetuses. *PLoS ONE* **2015**, *10* (5), e0128086. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0128086>.
- (5) Tenenhaus, A.; Tenenhaus, M. Regularized Generalized Canonical Correlation Analysis. *Psychometrika* **2011**, *76* (2), 257–284. <https://doi.org/10.1007/s11336-011-9206-8>.
- (6) Tenenhaus, A.; Philippe, C.; Guillemot, V.; Le Cao, K.-A.; Grill, J.; Frouin, V. Variable Selection for Generalized Canonical Correlation Analysis. *Biostat. Oxf. Engl.* **2014**, *15* (3), 569–583. <https://doi.org/10.1093/biostatistics/kxu001>.
- (7) Rohart, F.; Gautier, B.; Singh, A.; Cao, K.-A. L. MixOmics: An R Package for ‘omics Feature Selection and Multiple Data Integration. *PLoS Comput. Biol.* **2017**, *13* (11), e1005752. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1005752>.
- (8) Ludwig, C.; Gillet, L.; Rosenberger, G.; Amon, S.; Collins, B. C.; Aebersold, R. Data-independent Acquisition-based SWATH-MS for Quantitative Proteomics: A Tutorial. *Mol. Syst. Biol.* **2018**, *14* (8), e8126. <https://doi.org/10.15252/msb.20178126>.
- (9) Demichev, V.; Messner, C. B.; Vernardis, S. I.; Lilley, K. S.; Ralser, M. DIA-NN: Neural Networks and Interference Correction Enable Deep Proteome Coverage in High Throughput. *Nat. Methods* **2020**, *17* (1), 41–44. <https://doi.org/10.1038/s41592-019-0638-x>.

**Mots-clés** : protéomique SWATH-MS, surfacéome, sécrétome, intégration statistique de données, dialogue inter-organes

## Produire de la viande biologique qui valorise les territoires avec le troupeau allaitant

**Auteur – Orateur :** SEPCHAT Bernard

**Unité :** UE 1414 Herbipôle

### Liste complète des auteurs :

SEPCHAT Bernard – UE 1414 Herbipôle – Theix – 63122 SAINT-GENES-CHAMPANELLE

BARBET Marc – UE 1414 Herbipôle – Theix – 63122 SAINT-GENES-CHAMPANELLE

### Grand Objectif scientifique :

GOS 4 – Priorité 2

### Résumé :

Le troupeau bovin allaitant peine à trouver sa place en agriculture biologique (AB). Il est peu représenté et il n'existe pas de débouché pour les broutards qui s'écoulent en filière d'engraissement conventionnel et échappent aux circuits de valorisation de viande biologique.

Des itinéraires de finition de jeunes bovins conduits en AB et valorisant les ressources de l'exploitation, en particulier l'herbe, ont été mis en place à l'UE Herbipôle de l'INRAE, sur le site de Laqueuille (63). Ils visent à proposer des cycles de production courts (mâles rajeunis) permettant de positionner les produits du troupeau bovin allaitant de moyenne montagne (altitude 1000-1500m), dans l'offre de viande biologique (Veysset et al 2018).

Vingt-neuf jeunes bovins mâles croisés Salers-Angus ont été testés sur 2 campagnes (12 en 2021 et 17 en 2022), la moitié a été castrée. Les animaux ont été abattus à moins de 12 mois. Les vêlages ont eu lieu de janvier à mars et le sevrage à l'âge de 9 mois. Les couples mères-veaux ont été conduits sans concentré jusqu'au sevrage, les mères recevaient uniquement de l'enrubannage d'herbe (du vêlage à fin avril) et de l'herbe pendant la saison de pâturage (de mai à octobre). Après sevrage, les mâles ont été engraisés pendant 84 jours, avec une ration à base d'enrubannage de prairie naturelle complémentée avec du méteil grain (75 % triticale-25% pois) à hauteur de  $\pm 30\%$  de la matière sèche (MS) ingérée totale. La valeur moyenne de la ration a été de 0,91 UFV pour l'énergie et 97g PDI pour les protéines.

A l'engraissement, les mâles ont ingéré en moyenne 8,8 kg de MS/jour dont 2,8 kg de concentré. Ainsi, la consommation totale de concentré du couple mère veau a été de  $\pm 250$  kg. En combinant une bonne production laitière (PL) des mères et un pâturage de qualité, la croissance des veaux sous la mère a été de 1260 g/j pour le lot non castré (NC) vs 1150g pour le lot castré (C). En engraissement, la croissance a été de 1560 kg/j pour NC vs 1260 pour C avec un enrubannage d'herbe de très haute qualité. Les poids des carcasses (280 kg pour NC vs 255 kg pour C) sont satisfaisants pour des animaux de moins d'un an nourris à base d'herbe. Les carcasses ont un bon état d'engraissement (NEC 3 sur 5 (NC) vs 3,5 (C)). La viande est relativement rouge (note 4 sur 6 pour les 2 lots), mais avec peu de gras intramusculaire car il se dépose à un âge plus avancé (note de persillé : 2 sur 6 pour les 2 lots).

Il est possible d'engraisier des animaux jeunes avec des régimes herbagers sans ou avec peu de concentré en combinant type génétique, PL des mères, qualité du pâturage et des fourrages. Le croisement avec la race Angus et la castration ont permis d'obtenir des carcasses de bonne qualité pour des animaux abattus à moins d'un an. Cette production répond à la demande sociétale et à la durabilité environnementale. Elle offre des opportunités de débouchés aux éleveurs en AB et contribue au déploiement d'une agriculture conforme aux exigences de l'agroécologie.

### Références bibliographiques :

Patrick Veysset et al 2018, L'efficacité des exploitations d'élevage de ruminants en AB dans le massif central : avantage aux spécialisés herbagers. 3R., 2018.

**Mots-clés :** Elevage allaitant, Agriculture biologique, Durabilité, Engraissement

# Sécuriser les systèmes d'élevage en zone contaminée – Cas de la crise Chlordécone aux Antilles : de la modélisation des processus de transfert de la chlordécone à l'application sur le terrain d'un outil d'aide à la décision

**Auteur – Orateur :** Agnès FOURNIER

**Unité :** Laboratoire Animal et Agroécosystèmes - L2A

**Liste complète des auteurs :** Agnès Fournier (L2A), Cyril Feidt (L2A), Claire Collas (L2A), Stefan Jurjanz (L2A), Harry Archimède (ASSET), Jean- Christophe Bambou (ASSET), Yves Le Roux (L2A), Guido Rychen (L2A)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 4 – Priorité 2

## Résumé :

La contamination des sols par la chlordécone (CLD) met en péril les filières antillaises d'élevage en zone contaminée. Les éleveurs sont directement impactés, car sous la menace d'une saisie des carcasses non conformes. Certains éleveurs ont fait le choix d'arrêter leur activité, ce qui fragilise le volume de production et d'abattage local. Enfin, l'existence de carcasses contaminées affecte la confiance des consommateurs dans les produits locaux. Ces éléments vont donc à l'encontre d'objectifs sociétaux que sont le maintien des services écosystémiques fournis par l'élevage en plus de l'objectif premier qui est le développement d'une alimentation locale et saine pour le consommateur.

La contamination des animaux dépend à la fois du niveau de contamination de l'environnement et des pratiques d'élevage. Son déterminisme est donc complexe. Il est essentiel que les éleveurs puissent connaître le statut de contamination de leurs animaux avant de prendre la décision ou non de les introduire dans la chaîne alimentaire. Ainsi, les chercheurs ont été sollicités pour la mise en place d'un Outil d'Aide à la Décision (OAD) permettant de garantir en amont la conformité des carcasses. Pour cela, un modèle toxicococinétiq ue basé sur la physiologie (PBTK) a été développé chez le ruminant (Fournier et al., 2022). Ce dernier, qui a nécessité un ensemble d'études pour caractériser les processus de transfert de la CLD, a dans un deuxième temps été décliné en OAD et validé sur le terrain pour les bovins adultes, en collaboration étroite avec des éleveurs volontaires, les organismes de veille sanitaire (GDSM et Sanigwa), l'Institut Pasteur, les préfetures, les DAAF et la DGAL (Feidt et al., 2022, Fournier et al., 2023). Cet OAD est basé sur deux principaux éléments : la capacité d'élimination de la CLD par le bovin, la prédictibilité des concentrations tissulaires d'intérêt à partir de la teneur sérique. Ainsi, à partir d'une prise de sang initiale, un temps de décontamination peut être estimé en fonction de la concentration finale souhaitée. L'OAD est aujourd'hui intégré dans les mesures gouvernementales et utilisé dans le cadre du plan chlordécone IV.

A présent, les enjeux concernent l'enrichissement de cet OAD en intégrant : (i) un module « d'exposition », (ii) différents statuts physiologiques, (iii) une part de variabilité inter-individuelle, (iv) un module « retour au sol » intégrant le traitement des effluents pour réduire les teneurs en CLD et (v) une version validée pour les petits ruminants. Ces différents volets sont en cours avec des études permettant l'acquisition de données nécessaires à ces extensions du modèle, concernant en particulier : le transfert mère-jeune, l'effet de la croissance sur la cinétique de décontamination, l'effet de la méthanisation sur la dégradation de la CLD présente dans les déjections animales (Martin et al., 2023). En parallèle, les données d'une étude terrain ont pour objectif de valider le modèle chez l'ovine.

## Références bibliographiques :

Fournier, A., Fourcot, A., Gourdine, J.-L., Rychen, G., Feidt, C. 2022. Modélisation PBPK du transfert de la chlordécone chez le ruminant adulte. Rencontres Chlordécone, connaître pour agir, 12-14 décembre, Le Gosier (Guadeloupe), France  
Fournier, A., Feidt, C., Fourcot, A., Saint-Hilaire, M., Le Roux, Y., Rychen, G. 2023. Development of a Decision Support Tool to secure cattle production in chlordécone-contaminated areas. 74th European Federation of Animal Science Congress, 26 août - 01 septembre, Lyon, France  
Feidt, C., Fournier, A., Collas, C., Delannoy, M., Jurjanz, S., Le Roux, Y., Rychen, G. 2022. Construction agile d'un programme de recherche-action, interdisciplinaire de longue durée sur polluant organique chlordécone persistant et toxique, pour répondre aux enjeux santé-environnement. *POUR*, 244, 123-130  
Martin, D.E., Alnajjar, P., Muselet, D., Soligot-Hognon, C., Kanso, H., Pacaud, S., Le Roux, Y., Saaidi, P.-L., Feidt, C. 2023. Efficient

biodegradation of the recalcitrant organochlorine pesticide chlordane under methanogenic conditions. Science of The Total Environment, Volume 903 (166345), pp. 1-11.

**Mots-clés** : sécurisation des systèmes d'élevage, qualité sanitaire des produits animaux, chlordane, modélisation, OAD

## Peut-on moduler les teneurs en vitamines B des produits laitiers chez les Ruminants ?

**Auteur – Orateur :** B. Graulet

**Unité (codique + sigle) :** 1213 UMRH

### Liste complète des auteurs (Noms + sigles unités) :

B. Graulet, L. Auzance, S. Laverroux, H. Fougère, L. Bernard & M. Popova : UMR Herbivores

M. Duplessis, C.L. Girard : Centre de Sherbrooke, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Canada

J. Ronholm : Département des sciences animales, Université McGill, Canada

### Grand Objectif scientifique :

GOS 4 – Priorité 2

### Résumé :

Les vitamines B produites par les végétaux (sauf B<sub>12</sub>) et certaines bactéries<sup>11</sup> sont des nutriments essentiels pour les mammifères. Elles participent aux relations qualitatives et quantitatives entre l'alimentation du ruminant, son microbiote digestif, son métabolisme, son efficacité productive, la qualité de ses produits et sa santé<sup>3,4,6,7,10,12,14,17</sup>. Les apports de vitamines B2, B5, B9 et B12 à l'Homme fréquemment en deçà des besoins<sup>15</sup> constituent un facteur de risque d'apparition de maladies chroniques<sup>8</sup> alors que les produits laitiers contribuent notablement à ces apports<sup>5,16</sup>. Nous étudions la variabilité des concentrations des vitamines B dans ces produits laitiers en fonction de différents facteurs d'élevage (ex : nutrition) ou de l'espèce et cherchons à les expliquer. Nous avons établi la preuve de concept que des régimes expérimentaux peuvent moduler la teneur en vitamines B2, B6, B9 et B12 du sang et du lait<sup>9</sup> et, par une approche de physiologie comparée, posé des hypothèses sur l'origine des différences de statut en vitamine B9 entre les vaches et les chèvres laitières en observant la surexpression de plusieurs gènes impliqués dans la synthèse des folates par des bactéries du rumen<sup>13</sup>. Nous étudions actuellement la variabilité et les facteurs de variation des concentrations des vitamines B liés aux conditions de production (race et composition de la ration) et les répercussions sur la qualité des produits laitiers (lait UHT, fromages, yaourts). Nous avons observé que le lait est plus riche en vitamines B2 et B9 mais plus pauvre en vitamines B1 et B5 lorsque les vaches sont au pâturage que lorsqu'elles reçoivent une ration à base d'ensilage de maïs et de concentré<sup>2</sup>. Lors d'une période de sécheresse simulée (réduction de l'accès à l'herbe), la teneur en vitamine B2 du lait diminue, mais la teneur en vitamine B5 augmente. De manière surprenante, la teneur en vitamine B12 qui est plus élevée dans le lait des vaches nourries à l'ensilage de maïs et ayant accès au pâturage pendant une petite partie de la journée, devient plus faible lorsque l'accès au pâturage est totalement supprimé. Les premiers résultats indiquent que les variations de teneurs en vitamines B dans le lait impactent de façon marginale les teneurs dans les fromages et les yaourts qui en sont issus<sup>1</sup>. En parallèle, nous développons 2 approches innovantes qui visent à proposer des biomarqueurs sanguins du statut en vitamines B qui seront applicables pour évaluer des besoins, caractériser à grande échelle la situation des vaches laitières dans les élevages et proposer des recommandations pour couvrir les besoins le cas échéant. En explorant la composition et les activités du microbiote ruminal, nous poursuivons la démarche d'identification des mécanismes régulateurs ruminiaux de ce statut vitaminique pour proposer des solutions innovantes et adaptées dans les situations d'élevage défavorables pour la couverture de ces besoins.

### Références bibliographiques :

1. Auzance L., Martin B., Delbes C., Verdier-Metz I., Bouchon M., Jan G., Gagnaire V., Michalski M.C., Duplessis M., Popova M., Ronholm J., Graulet B. (2024) Dairy cows' diet has a marked impact on vitamin B content in milk but less in yogurts. 75th EAAP Annual Meeting September 2024 - Florence, Italy
2. Auzance L., Ronholm R., Martin B., Delbes C., Verdier-Metz I., Bouchon M., Michalski M.C., Duplessis M., Popova M., Ronholm J., Graulet B. (2024) Impact of grass-based diet on vitamin B content in cow milk. 3rd Mountain Livestock Farming Systems Meeting of the European Federation of Animal Science, June 2024, Lempdes, France (poster).
3. Beaudet, V., Gervais, R., Chouinard P.Y., Graulet, B., Martin C., Doreau, M., Girard, C. (2020) Effects of increasing amounts of extruded linseed in the diet on apparent ruminal synthesis of some B vitamins in dairy cows. *Animal*, (10.1017/S1751731120000671)
4. Clemmons, B. A., Mihelic, R. I., Beckford, R. C., Powers, J. B., Melchior, E. A., McFarlane, Z. D., . . . Myer, P. R. (2017). Serum metabolites associated with feed efficiency in black angus steers. *Metabolomics*, 13(12). doi:10.1007/S11306-017-1282-Z
5. Coudray, B. (2011). The Contribution of Dairy Products to Micronutrient Intakes in France. *Journal of the American*

College of Nutrition, 30(5), 410s-414s.

6. Girard C.L., Matte J.J. (2005) Folic acid and vitamin B12 requirements of dairy cows : a concept to be revised. *Livestock Production Science*, 98, 123.133.
7. Graulet, B., Matte, J. J., Desrochers, A., Doepel, L., Palin, M.-F., Girard, C. L. (2007). Effects of dietary supplements of folic acid and vitamin B12 on metabolism of dairy cows in early lactation. *Journal of Dairy Science*, 90 (7), 3442-3455.
8. Graulet B., Girard C.L. (2017) B vitamins in cow milk: their relevance to human health. In : R.R. Watson, R.J. Collier and V. Preedy, dir., *Dairy in human health and disease across the lifespan*. 1st edition (p211-224), Elsevier.
9. Graulet, B., Bernard, L., Laverroux, S., Popova, M., Fougere, H., Girard, C., Girard, C. (2019). Contrasted status in B vitamins between dairy cows and goats fed various lipid supplements. Presented at 11th International Symposium on Ruminant Physiology (ISRP), Leipzig, DEU (2019-09-02 - 2019-09-06). *Advances in Animal Biosciences*, 100, p 483. [Corresponding high ranking publication under preparation]
10. Li, F. Y., & Guan, L. L. (2017). Metatranscriptomic Profiling Reveals Linkages between the Active Rumen Microbiome and Feed Efficiency in Beef Cattle. *Applied and Environmental Microbiology*, 83(9). doi: e00061-1710.1128/AEM.00061-17
11. Magnusdottir, S., Ravcheev, D., de Crecy-Lagard, V., & Thiele, I. (2015). Systematic genome assessment of B-vitamin biosynthesis suggests co-operation among gut microbes. *Frontiers in Genetics*, 6. doi:10.3389/Fgene.2015.00148
12. Meale, S.J., Morgavi D.P., Cassar-Malek I., Andueza D., Ortigues-Marty I., Robins R.J., Schiphorst A-M., Laverroux S., Graulet B., Boudra H., Cantalapiedra-Hijar G. (2017) Exploration of Biological Markers of Feed Efficiency in Young Bulls. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 65, 9817-9827.
13. Popova M., Bernard L., Fougère H., Girard C.L., Laverroux S., Graulet B. (2021) Microbial mechanisms at the root of B-vitamins status in plasma and milk. Presented at 12th International Symposium on Gut Microbiology, (2021-10-13-2021-10-15). [Corresponding high ranking publication under preparation]
14. Seck M., Linton J.A.V., Allen M.S., Castagnino D.S., Chouinard P.Y., Girard C.L., (2017) Apparent ruminal synthesis of B vitamins in lactating dairy cows fed diets with different forage-to-concentrate ratios, *J. Dairy Sci.* 100, 1914-1922. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-12111>
15. Troesch, B., Hoelt, B., McBurney, M., Eggersdorfer, M., & Weber, P. (2012). Dietary surveys indicate vitamin intakes below recommendations are common in representative Western countries. *British Journal of Nutrition*, 108(4), 692-698. doi: 10.1017/S0007114512001808
16. Vissers, P. A. J., Streppel, M. T., Feskens, J. M., & de Groot, L. C. P. G. M. (2011). The Contribution of Dairy Products to Micronutrient Intake in The Netherlands. *Journal of the American College of Nutrition*, 30(5), 415s-421s
17. Wang C, Zhang J, Guo G, Huo W, Xia CQ, Chen L, Zhang Y, Pei C, Liu Q. (2023) Effects of folic acid and riboflavin on growth performance, nutrient digestion and rumen fermentation in Angus bulls. *Br J Nutr.* 129(1):1-9. doi: 10.1017/S0007114522000630.

**Mots-clés** : Ruminants ; vitamines ; qualités ; performances ; nutrition ; microbiote ruminal



# Recherche internationale collaborative sur le classement de la viande bovine en fonction de sa qualité en bouche selon les normes de la Commission économique pour l'Europe des Nations Unies afin de mieux répondre aux attentes des consommateurs

**Auteur – Orateur :** Jean-François Hocquette

**Unité :** 1213 UMRH

## Liste complète des auteurs :

Liu J, Kombolo M., Cui Y., Ellies-Oury M.P., INRAE UMR Herbivore

Bru P, Rivet PP, Entreprise Beauvallet, Limoges

Legrand I, Idele, France

Pethick DW, Murdoch University, Australia

Scollan N, Queens' University Belfast, UK

Polkinghorne R, Neveu A, Birkenwood Pty, Australia

Wierzbicki J, Pogorzelski G, Polish Beef Association,

## Grand Objectif scientifique :

GOS 4 – Priorité 2

## Résumé :

En Europe, les classements de la viande bovine sont liés au rendement en viande, à la conformation et l'engraissement des carcasses, et sont peu liés à la qualité sensorielle de la viande (Santinello et al., 2024). Ceci explique le peu de relation entre le prix de vente de la viande et sa tendreté, et souligne l'importance de classer les morceaux plutôt que les carcasses. C'est l'un des principes du système « Meat Standards Australia (MSA) » qui prédit la qualité sensorielle de chaque combinaison « muscle x méthode de cuisson » afin de mieux satisfaire les consommateurs. Ce système permet aussi d'aider les signes officiels de qualité et les marques commerciales. La version internationale du MSA est le modèle 3G pour « Guaranteed. Global. Grading » (Hocquette et al., 2020) dont les conditions d'application sont en grande partie transposables en Europe, y compris la mesure du persillé (Liu et al., 2021). La marque de viande bovine premium OR ROUGE a été créée par la société Beauvallet en se basant entre autres sur cette méthodologie.

Environ 20 000 consommateurs européens ont évalué la qualité sensorielle d'un grand nombre de muscles, puis attribué à chacun l'une des classes proposées : non satisfaisant, qualité correcte, bonne qualité et qualité supérieure. Comme dans les autres pays, 70% des échantillons ont été bien classés avec le système MSA/3G par rapport à la classe donnée par les consommateurs y compris pour des systèmes d'élevage innovants avec des bovins croisés Salers x Angus (Liu et al., 2023). Seulement, 7% de la viande de qualité insuffisante ont été classés à tort comme acceptable, alors que tous les échantillons non satisfaisants représentaient 26% du total. Ainsi, avec le modèle 3G, les chances de décevoir le consommateur diminueraient de 26 à 7%. De plus, les consommateurs européens sont prêts à payer davantage pour une viande de meilleure qualité (Bonny et al., 2018). Des recherches récentes ont été développées pour mesurer certains critères du modèle 3G tel que le persillé à l'aide d'outils portables (Kombolo Ngah et al., 2023). D'autres méthodes de pointe telles que la « Rapid Evaporative Ionization Mass Spectrometry » (méthode REIMS) sont en cours de développement pour discriminer encore plus rapidement et facilement les différentes classes de qualité de viande (Liu et al., 2024). Ces recherches se poursuivent dans le cadre du projet européen INTAQT notamment en Italie (Santinello et al., 2024).

Ainsi, le système de classement 3G pourrait être utilisé pour prédire la qualité sensorielle de la viande en Europe. Ce système orienté vers le consommateur peut modifier le modèle économique de la filière, générer une plus-value et garantir de meilleurs revenus notamment aux éleveurs. Ainsi, la Fondation internationale Meat3G a été créée sous les auspices de la Commission économique pour l'Europe des Nations Unies (UNECE) pour mettre en pratique ces recherches, fournir des outils et des services à la filière bovine et faciliter la recherche internationale collaborative (<https://imr3gfoundation.org>; Hocquette et al., 2020).

## Références bibliographiques :

- Bonny S., Hocquette J.F, Pethick D.W, Legrand I., Wierzbicki J., Allen P., Farmer L.J., Polkinghorne R.J., Gardner G. (2018). Review: The variability of the eating quality of beef can be reduced by predicting consumer satisfaction. *Animal*, 12(11), 2434-2442.
- Hocquette J. F., Ellies-Oury M. P., Legrand I., Pethick D., Gardner G., Wierzbicki J. & Polkinghorne R. (2020). Research in Beef Tenderness and Palatability in the Era of Big Data. *Meat and Muscle Biology*, 4(2), 1-13.
- Liu J., Pogorzelski G., Neveu A., Legrand I., Pethick D., Ellies-Oury M.P., Hocquette J.-F. (2021). Are Marbling and the Prediction of Beef Eating Quality Affected by Different Grading Sites?. *Frontiers in Veterinary Science*, 8, 171.
- Liu J., Pannier L., Ellies-Oury M.P., Legrand L., Noel F., Sepchat B., Prache S., Pethick D.W., Hocquette J.F. (2023). French consumer evaluation of eating quality of Angus x Salers beef: Effects of muscle cut, muscle slicing and ageing, *Meat Science*, 197, 109079.
- Kombolo-Ngah M., Goi A., Santinello M., Rampado N., Atanassova S., Liu J., Faure P., Thoumy L., Neveu A., Andueza D., De Marchi M., & Hocquette J.-F. (2023). Across countries implementation of handheld near-infrared spectrometer for the on-line prediction of beef marbling in slaughterhouse. *Meat Science*, 200, 109169.
- Liu J., Birse N., Álvarez C., Liu J., Legrand I., Ellies-Oury M.P., Gruffat D., Prache S., Pethick D., Scollan N., Hocquette J.F. (2024). Discrimination of beef composition and sensory quality by using rapid Evaporative Ionisation Mass Spectrometry (REIMS). *Food Chemistry*, 1;454:139645.
- Santinello M., Panasa M., Goi A., Rampado N., Hocquette J.F., De Marchi M. (2024). Relationships between European carcass evaluation and meat standards Australia grading scheme applied to young beef cattle. *Meat Science*, 109575

**Mots-clés :** Prédiction, modélisation, qualité, viande bovine

## Comment la diversification des modes d'élevage en Europe influence-t-elle les principaux indicateurs de la qualité de la viande de poulet ?

**Auteur – Orateur :** C. Berri

**Unité :** UMR 0083 BOA

### Liste complète des auteurs :

C. Berri<sup>1</sup>, E. Baéza<sup>1</sup>, M. Petracci<sup>2</sup>, S. De Smet<sup>3</sup>, R. Eppenstein<sup>4</sup>, M. Bourin<sup>5</sup>, A. Travel<sup>5</sup>, A. Cartoni Mancinelli<sup>6</sup>, E. Kowalski<sup>3</sup>, B. Martin<sup>7</sup>

<sup>1</sup>INRAE, Université de Tours, BOA, 37380 Nouzilly, France,

<sup>2</sup>University of Bologna, Department of Agricultural and Food Sciences, Piazza Goidanich 60, 47521 Cesena, France,

<sup>3</sup>Ghent University, Department of Animal Production, Coupure Links 653, 9000 Gent, Belgium,

<sup>4</sup>FiBL, Ackerstrasse 113, 5070 Frick, Switzerland,

<sup>5</sup>ITAVI, L'Orfrasière, 37380 Nouzilly, France,

<sup>6</sup>University of Perugia, Department of Agricultural Food and Environmental Sciences, 06100 Perugia, Italy,

<sup>7</sup>INRAE, Université Clermont Auvergne, VetAgro Sup, UMR H, Saint-Genès-Champanelle, 63122, France

### Grand Objectif scientifique :

GOS 4 – Priorité 3

### Résumé :

Le projet H2020 INTAQT : " INNoveative Tools for Assessment and Authentication of chicken meat, beef, and dairy products' QualiTies " a été proposé en réponse à une priorité européenne d'acquérir des connaissances et des outils pour mieux évaluer le lien entre pratiques d'élevage et qualité des produits animaux. Cette demande s'inscrit dans le contexte d'une transition déjà amorcée des systèmes d'élevage européens, principalement motivée par des questions sociétales, éthiques et environnementales, mais pour laquelle nous manquons d'informations sur les conséquences pour la qualité des produits. Le projet implique 21 partenaires de 10 pays européens (<https://h2020-intaqt.eu/>). Il est basé sur le concept "One Quality", qui englobe les différentes facettes de la qualité intrinsèque des produits (nutritionnelle, sanitaire, sensorielle et technologique) ainsi que la qualité des systèmes de production liée à leur durabilité économique, environnementale et sociétale. Son objectif est de fournir les connaissances et les outils nécessaires pour caractériser, authentifier et améliorer la qualité des produits issus de la diversité des élevages européens. Il se concentre sur trois produits – le bœuf, le lait et le poulet - qui représentent environ 65 % de la valeur économique des produits animaux en Europe.

Grâce à un vaste réseau de 90 exploitations en France, Belgique, Italie, Suisse et Pologne, nous avons pu évaluer l'impact de 18 systèmes d'élevage sur la qualité intrinsèque de la viande de poulet. Les systèmes étudiés étaient à la fois conventionnels et biologiques, et couvraient un continuum de pratiques allant des plus intensives aux plus extensives, avec l'utilisation de souches à croissance rapide ou lente (y compris à double usage), donnant accès à des environnements plus ou moins enrichis (y compris au plein air). Nous nous proposons ici de présenter les premiers résultats obtenus pour les indicateurs classiques de la qualité des viandes liés à leur composition et leur qualité technologique et sensorielle. Ces premiers résultats seront rapidement complétés par des mesures supplémentaires pour évaluer les teneurs en nutriments d'intérêt, la présence de substances dangereuses, l'évolution de la flore bactérienne au cours du stockage, ou encore le profil sensoriel des produits et leur perception par les consommateurs. Grâce aux différents critères mesurés, nous serons en mesure de réaliser une évaluation multicritère de la qualité intrinsèque des produits, selon une méthodologie construite en collaboration avec les experts et les différentes parties prenantes du projet. Les scores de qualité ainsi établis seront mis en relation avec les scores de durabilité des élevages, notamment sur le bien-être animal et l'empreinte environnementale, nous permettant ainsi d'évaluer les synergies ou compromis existant entre ces différentes externalités et de guider l'évolution vers des pratiques avicoles plus durables pour l'animal, l'environnement et le consommateur.

**Mots-clés :** Qualité, viande, élevage, durabilité, poulet.

# Vers l'évaluation conjointe de la qualité intrinsèque et des impacts environnementaux de la viande porcine : Cas d'étude expérimental combinant type génétique et alimentation des animaux

**Auteur – Orateur :** Mohammed Gagaoua

**Unité :** UMR 1348 PEGASE

**Liste complète des auteurs :** Mohammed Gagaoua (UMR 1348 PEGASE), Florence Garcia-Launay (UMR 1348 PEGASE), Julie Auberger (UMR 1069 SAS), Caroline Malnoë (UMR 1069 SAS), Bénédicte Lebret (UMR 1348 PEGASE)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 4 – Priorité 3

## Résumé :

La qualité de la viande est multidimensionnelle et intègre des propriétés intrinsèques, liées au produit (sensorielles, nutritionnelles, technologiques, d'usage, sanitaires et commerciales) et des propriétés extrinsèques, liées aux façons de produire (éthique dont le bien-être animal, impacts environnementaux, origine, conditions d'élevage...). Les propriétés extrinsèques sont jugées de plus en plus importantes par les consommateurs (Gagaoua et al. 2024). Cependant, peu d'auteurs considèrent conjointement les multiples dimensions intrinsèques et extrinsèques de la qualité de la viande porcine. Notre objectif est d'identifier les synergies ou antagonismes entre ces multiples dimensions, en fonction de différents facteurs d'élevage ou des attentes des parties prenantes, dans une approche de qualité globale (Gagaoua et al. 2024). Nous proposons dans un premier temps d'intégrer les impacts environnementaux évalués par analyse de cycle de vie (ACV) avec les dimensions intrinsèques de la viande porcine (Gagaoua et al. 2023). Pour cela, nous avons utilisé des données individuelles provenant d'une expérimentation (n = 60) qui combinait deux facteurs : le type génétique (porcs croisés Duroc ou Piétrain) et l'alimentation. Deux régimes ont été testés : un régime « local » contenant de la féverole extrudée d'origine nationale comme source de protéines et des graines de lin extrudées comme sources d'acides gras oméga-3, et un régime « témoin » contenant des tourteaux d'oléagineux : soja importé, colza et tournesol décortiqué ; (Lebret et al. 2023). Dans l'étude, l'élevage de porcs Duroc avec un régime « local » améliorait conjointement les propriétés sensorielles, technologiques et nutritionnelles de la viande. Les impacts environnementaux : changement climatique (CC), acidification (AC), eutrophisation terrestre (EU), occupation des terres (OT), demande en énergie non renouvelable (EN) et utilisation d'eau (UE) du kg de gain de poids en sortie d'unité d'engraissement, évalués par ACV, étaient en moyenne plus élevés pour les porcs Duroc que les Piétrain, et plus élevés avec le régime « témoin » comparé au « local ». Les impacts environnementaux étaient les plus faibles pour les Piétrain avec le régime « local ». Le régime « local », chez les croisés Piétrain et Duroc respectivement, réduisait de 14 et 7 % l'impact CC, de 9 et 3 % l'AC et l'EU, de 4 et 2 % l'OT, de 12 et 5 % l'EN, et de 19 et 9 % l'UE. Ces résultats montrent la possibilité d'améliorer conjointement les qualités intrinsèques et extrinsèques (impacts environnementaux) de la viande de porc par une combinaison de pratiques d'élevage. L'étude approfondie des compromis et la mise en relation par des analyses multidimensionnelles et multicritères des données individuelles des différentes dimensions de la qualité sont en cours. L'approche intégrée de la qualité proposée permet de contribuer à promouvoir des pratiques de production porcine plus durables et de répondre aux attentes des consommateurs.

## Références bibliographiques :

Gagaoua, M., Gondret, F., Garcia-Launay, F., & Lebret, B. (2023). *Bridging environmental sustainability and intrinsic quality traits of pork*. Paper presented at the 74<sup>th</sup> Annual meeting of the European Federation of Animal Science (EAAP), Lyon, France. PP 943.

Gagaoua, M., Gondret, F. & Lebret, B. (2024). Towards a 'One quality' approach of pork: A perspective on the challenges and opportunities in the context of the farm-to-fork continuum. *Meat Science*, *In press*

Lebret, B., Lhuisset, S., Labussiere, E., & Louveau, I. (2023). Combining pig genetic and feeding strategies improves the sensory, nutritional and technological quality of pork in the context of relocation of feed resources. *Meat Science*, 197, 109074.

**Mots-clés :** Viande porcine, Qualité Globale, Durabilité de la production porcine ; Analyse multicritères.

# FROGS, 10 ans de développement logiciel dédié à la description des microbiotes

**Auteur – Orateur :** PASCAL Géraldine

**Unité :** 1388 GenPhySE

## Liste complète des auteurs :

Agoutin. G. (GenPhySE), Auer L. (IaM), Bernard M. (GABI/Sigenae), Pascal G. (GenPhySE), Rué O. (MaIAGE/Migale)

## Grand Objectif scientifique :

GOS 5 – Priorité 1

## Résumé :

FROGS est un logiciel INRAE pour l'analyse des séquences métabarcoding, utilisé principalement pour les études de tous les microbiotes. FROGS fournit une solution ouverte à tous avec une interface graphique, conviviale et rapide. Basé sur le système de plateformes Galaxy, il permet la construction de workflow et donc la « FAIRisation » des traitements. Le logiciel est aussi utilisable en ligne de commande pour le traitement de larges jeux de données et pour une utilisation experte.

Depuis son 1<sup>er</sup> déploiement en 2015, FROGS a connu plusieurs évolutions majeures :

- Intégration de nouveaux algorithmes et amélioration de la qualité des données : au fil du temps, FROGS a intégré des algorithmes plus performants pour la reconstruction (vsearch), la caractérisation (swarm v3, dada2, ITSX, OTU filter) et la classification des espèces, permettant une analyse plus précise et rapide des données. Les versions successives ont vu des améliorations significatives en termes de vitesse de traitement et de gestion de la mémoire, rendant FROGS moins énergivore, plus efficace pour les plus grands jeux de données.
- Ajout de nouvelles fonctionnalités : au fil des versions, FROGS s'est pourvu des outils d'analyses statistiques et d'inférence fonctionnelle.
- Une compatibilité accrue : FROGS a amélioré sa compatibilité avec différents types de données *e.g.* les amplicons ITS (champignons) et les lectures issues de séquençage long-read.
- Plus de bases de données de référence : FROGS a élargi considérablement son jeu de bases de données pour l'affiliations des espèces. Ces bases de données sont ouvertes à tous.
- Déploiement sur de nombreuses plateformes : plus de 25500 téléchargements dans le monde (distribution *via* CONDA et Galaxy Toolshed), historiquement installé uniquement sur les plateformes genotoul Bioinfo et Migale, aujourd'hui en France, une dizaine de plateformes proposent FROGS et notamment la plateforme nationale de l'Institut Français de Bioinformatique (IFB-core).
- FROGS et outils satellites : des outils compagnons ont été développés par des collègues de Migale *i.e.* affiliationExplorer et une plateforme de description des banques de données FROGS (stage master2).
- Communauté et support : le développement de FROGS a bénéficié d'une forte implication de la communauté scientifique, avec le traitement des dysfonctionnements remontés sur github, la création et le partage de tutoriels, la tenue de 2 à 3 formations annuelles (+ de 400 pers. formées) et un support technique actif pour aider les utilisateurs. FROGS a été cité plus de 700 fois dans des revues à comité de lecture de tous les domaines : santé, environnement, animaux, végétaux, humains.

En résumé, FROGS a évolué pour devenir un outil ouvert, flexible, adapté à sa communauté bénéficiaire, grâce à des améliorations continues en termes de performance, de précision et de facilité d'utilisation. Des nouveautés sont actuellement en cours de développement, FROGS 5 sera mis en production sous Galaxy en 2025.

## Références bibliographiques :

- Escudie, F., L. Auer, M. Bernard, M. Mariadassou, L. Cauquil, K. Vidal, S. Maman, G. Hernandez-Raquet, S. Combes and G. Pascal (2018). "FROGS: Find, Rapidly, OTUs with Galaxy Solution." *Bioinformatics* 34(8): 1287-1294.
- Bernard, M., O. Rue, M. Mariadassou and G. Pascal (2021). "FROGS: a powerful tool to analyse the diversity of fungi with special management of internal transcribed spacers." *Brief Bioinform* 22(6).
- Hakimzadeh, A., A. Abdala Asbun, D. Albanese, M. Bernard, D. Buchner, B. Callahan, J. G. Caporaso, E. Curd, C. Djemiel,

- M. Brandstrom Durling, V. Elbrecht, Z. Gold, H. S. Gweon, M. Hajibabaei, F. Hildebrand, V. Mikryukov, E. Normandeau, E. Ozkurt, M. P. J, G. Pascal, T. M. Porter, D. Straub, M. Vasar, T. Vetrovsky, H. Zafeiropoulos and S. Anslan (2024). "A pile of pipelines: An overview of the bioinformatics software for metabarcoding data analyses." *Mol Ecol Resour* 24(5): e13847.
- Olivier Rué, Monika Coton, Eric Dugat-Bony, Kate Howell, Françoise Irlinger, Jean-Luc Legras, Valentin Loux, Elisa Michel, Jérôme Mounier, Cécile Neuvéglise and Delphine Sicard (2023) Comparison of metabarcoding taxonomic markers to describe fungal communities in fermented foods, *Peer Community Journal*, 3: e97.
  - Outil compagnon : AffiliationExplorer <https://shiny.migale.inrae.fr/app/affiliationexplorer>
  - Distribution :
    - Conda : <https://anaconda.org/bioconda/frogs>
    - Github : <https://github.com/geraldinepascal/FROGS>
    - Galaxy Toolshed: <https://toolshed.g2.bx.psu.edu/view/frogs/frogs/834843ebe569>
  - Site web : <http://frogs.toulouse.inrae.fr/>

**Mots-clés** : Métabarcoding, microbiote, logiciel, bases de données, ITS, long-read, science ouverte, FAIR, workflow, Galaxy.

## Identification de biomarqueurs non invasifs du stade du cycle de reproduction dans le métabolome et le stéroïdome de la salive de jument.

**Auteur – Orateur :** Ghylène Goudet

**Unité :** UMR PRC

**Liste complète des auteurs :** Ghylène Goudet<sup>1</sup>, Philippe Liere<sup>2</sup>, Lydie Nadal-Desbarats<sup>3</sup>, Antoine Pianos<sup>2</sup>, Stéphane Beauclercq<sup>4</sup>, Cécile Douet<sup>1</sup>, Philippe Barrière<sup>5</sup>, Thierry Blard<sup>5</sup>, Yvan Gaude<sup>5</sup>, Amandine Gesbert<sup>5</sup>, Fabrice Reigner<sup>5</sup>

<sup>1</sup> UMR PRC INRAE Centre Val de Loire <sup>2</sup> U1195 INSERM Université Paris Saclay <sup>3</sup> UMR 1253 iBrain INSERM Université de Tours <sup>4</sup> UMR BOA INRAE Centre Val de Loire <sup>5</sup> UE PAO INRAE Centre Val de Loire

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 5 – Priorité 1

**Résumé :**

La maîtrise de la reproduction des mammifères domestiques implique des actes potentiellement douloureux, comme les prélèvements de sang pour des dosages hormonaux afin d'évaluer le stade du cycle de reproduction. Sous la pression de la société civile, la réglementation pourrait évoluer vers une interdiction des actes douloureux en élevage. Notre objectif est de développer des méthodes alternatives pour limiter les actes invasifs dans le cadre de la reproduction des mammifères d'élevage, et notamment de trouver une alternative aux prises de sang. Les prélèvements de salive sont des actes non douloureux et non invasifs, qui peuvent être effectués facilement sur le terrain de manière répétée. L'objectif de ce travail était d'analyser l'ensemble des métabolites (le métabolome) et des stéroïdes (le stéroïdome) dans la salive de juments à différents stades du cycle de reproduction, afin d'identifier des biomarqueurs non-invasifs du stade du cycle. La salive a été collectée le matin, après une heure de mise à jeun, à l'aide d'une Salivette<sup>®</sup>, sur 6 juments à 7 stades physiologiques successifs : en anoestrus saisonnier, en phase préovulatoire 3 jours, 2 jours et 1 jour avant l'ovulation, le jour de l'ovulation, en phase lutéale 6 jours après ovulation, en début de gestation 18 jours après ovulation et insémination artificielle. Des prélèvements sanguins à la veine jugulaire ont été réalisés en même temps pour comparer les concentrations dans la salive et dans le plasma. Les concentrations salivaires et plasmatiques ont été analysées par spectrométrie de résonance magnétique nucléaire du proton (SRM-<sup>1</sup>H) pour les métabolites et par chromatographie en phase gazeuse couplée à la spectrométrie de masse en tandem (GC-MS/MS) pour les stéroïdes. Nous avons identifié 25 stéroïdes et 58 métabolites dans la salive équine. Les concentrations salivaires de prégnénone en début de gestation étaient significativement plus élevées qu'en anoestrus ou en phase préovulatoire, et tendaient à être plus élevées qu'en phase lutéale. La prégnénone pourrait donc être un biomarqueur salivaire potentiel du début de gestation. Les concentrations salivaires de créatine étaient significativement plus basses le jour de l'ovulation comparé à 2 jours avant ovulation, suggérant qu'une diminution des taux salivaires de créatine pourrait permettre de prédire le moment de l'ovulation. Les concentrations salivaires d'alanine étaient significativement plus élevées en anoestrus que dans les autres stades, suggérant qu'une diminution des concentrations salivaires d'alanine pourrait être associée à la sortie d'anoestrus saisonnier.

Cette étude prospective a permis d'identifier dans la salive des biomarqueurs potentiels du stade du cycle de reproduction de la jument. Ces métabolites et stéroïdes pourraient permettre de prédire le début de la saison de reproduction, le moment de l'ovulation ou le début d'une gestation. Toutefois, une étude complémentaire avec un plus grand nombre de juments est nécessaire pour confirmer la pertinence de ces biomarqueurs potentiels.

**Références bibliographiques :** Ghylène Goudet, Cécile Douet, Antoine Pianos, Léna Haddad, Fabrice Reigner, Stéfan Deleuze, Philippe Liere, 2022. Saliva and plasma steroidome in mare during reproductive stages: a GC-MS/MS study. *Frontiers in Animal Science* 3:1055179. doi: 10.3389/fanim.2022.1055179.

Ghylène Goudet, Stéphane Beauclercq, Cécile Douet, Fabrice Reigner, Stéfan Deleuze, Lydie Nadal-Desbarats, 2024. Saliva and plasma metabolome changes during anoestrus, the oestrous cycle and early gestation in the mare: a pilot study. *Theriogenology* 228, 110-120. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2024.08.007>.

**Mots-clés :** Equin, biomarqueur, salive, stéroïdome, métabolome



# Construction et validation d'un modèle de prédiction précoce de l'efficacité alimentaire en utilisant des biomarqueurs plasmatiques chez le bovin

**Auteur – Orateur :** Gonzalo Cantalapiedra-Hijar

**Unité :** UMR 1213 Herbivores

## Liste complète des auteurs :

Hadeer M. Aboshady<sup>a</sup>, Ezequiel Jorge-Smeding<sup>a</sup>, A. Delavaud<sup>a</sup>, C. Chantelauze<sup>a</sup>, Sébastien Taussat<sup>b,c</sup>, Gonzalo Cantalapiedra-Hijar<sup>a</sup>

<sup>a</sup>Université Clermont Auvergne, INRAE, VetAgro Sup, UMR Herbivores, 63122 Saint-Genès-Champanelle, France. <sup>b</sup>INRAE, AgroParisTech, GABI, Université Paris-Saclay, 78350 Jouy-en-Josas, France.

<sup>c</sup>Eliance, 149 Rue de Bercy, 75595 Paris Cedex 12, France.

## Grand Objectif scientifique :

GOS 5 – Priorité 1

## Résumé

La caractérisation de l'efficacité alimentaire (EA) des individus permet d'adapter leur alimentation en fonction de leur potentiel et a été identifiée comme une des stratégies d'avenir pour la durabilité des élevages [1]. Elle peut être réalisée de manière précoce, en amont de l'engraissement des animaux, car certains critères d'EA sont des phénotypes répétables au cours du temps. L'identification de biomarqueurs offre une opportunité prometteuse pour développer des modèles de prédiction précoces en appui des stratégies d'alimentation de précision [2]. Notre étude vise à évaluer la fiabilité des biomarqueurs candidats identifiés précédemment chez des bovins en fin d'engraissement (17 mois d'âge) [3] lorsqu'ils sont analysés au début des phases d'engraissement (11 mois d'âge) [2] et à développer des équations de prédiction précoces pour la consommation journalière résiduelle (RFI en anglais). Parmi 364 taurillons Charolais répartis en 7 cohortes, nous avons sélectionné 64 animaux avec des valeurs extrêmes sur le RFI. Ils ont été nourris avec un régime à base d'ensilage d'herbe ou de maïs. Les animaux de trois cohortes (24 avec un RFI élevé et 24 avec un RFI faible, ayant une différence moyenne de RFI de 1,48 kg/j) ont été utilisés pour confirmer les biomarqueurs candidats et entraîner le modèle de prédiction. Les animaux d'une quatrième cohorte (8 avec un RFI élevé et 8 avec un RFI faible, ayant une différence moyenne de RFI de 0,98 kg/j) ont servi à la validation externe du modèle. Des échantillons de sang ont été prélevés au début du test d'EA (11,1 ± 0,7 mois d'âge), et le plasma a été analysé pour 630 métabolites via une approche métabolomique ciblée, ainsi que pour l'abondance naturelle de l'azote <sup>15</sup>N, l'insuline et l'IGF-1. Sept biomarqueurs candidats précédemment identifiés pour le RFI chez les bovins en fin d'engraissement permettent de discriminer les animaux avec un RFI faible vs élevé lorsqu'ils sont analysés au début des phases d'engraissement ( $P < 0,05$ ). Parmi ces biomarqueurs confirmés, 5 étaient communs aux deux régimes évalués, tandis que 2 étaient spécifiques à l'alimentation. Des modèles de prédiction ont été développés basés sur les 7 biomarqueurs de RFI confirmés et analysés au début de l'engraissement. Deux modèles de régression logistique incorporant la créatinine et l'IGF-1 (pour le régime à base d'ensilage d'herbe), ou la créatinine et une phosphatidylcholine (pour le régime à base d'ensilage maïs) ont permis de distinguer les animaux avec un RFI élevé et faible avec une sensibilité et une spécificité élevée (aire sous la courbe > 0,80). Les biomarqueurs utilisés dans les modèles ont montré une répétabilité modérée à élevée entre les stades précoces et tardifs de l'engraissement ( $0,45 \leq r \leq 0,65$ ), similaire au classement RFI réalisé à ces deux stades ( $r > 0,70$ ). Les modèles ont été validés avec un dispositif externe, avec plus de 85 % des animaux de la quatrième cohorte correctement classifiés. Une fois validés dans des cohortes plus larges et en utilisant des méthodes analytiques rapides et peu coûteuses, ces modèles pourraient appuyer les programmes d'alimentation de précision. A moyen terme, nous visons à identifier l'efficacité des individus dès le jeune âge afin d'orienter précocement leurs itinéraires alimentaires, avec l'objectif de réduire la quantité d'intrants alimentaires dans les rations des ruminants en croissance et leur empreinte environnementale.

## Références bibliographiques

[1] Tedeschi, L. O., Fonseca, M. A., Muir, J. P., Poppi, D. P., Carstens, G. E., Angerer, J. P., & Fox, D. G. 2017. A glimpse of the future in animal nutrition science. 2. Current and future solutions. Revista Brasileira de Zootecnia, 46, 452-469.

- [2] Cantalapiedra-Hijar, G., Nedelkov, K., Crosson, P., and McGee, M., 2024. Some plasma biomarkers of residual feed intake in beef cattle remain consistent regardless of intake level. *Scientific Reports* 14, 8540.
- [3] Jorge-Smeding, E., Bonnet, M., Renand, G., Taussat, S., Graulet, B., Ortigues-Marty, I., and Cantalapiedra-Hijar, G., 2021. Common and diet-specific metabolic pathways underlying residual feed intake in fattening Charolais yearling bulls. *Scientific Reports* 11, 24346.
- [4] Aboshady, H. M, Jorge-Smeding, E., Taussat, S., and Cantalapiedra-Hijar, G., 2024. Development and validation of a model for early prediction of residual feed intake in beef cattle using plasma biomarkers. *Animal* (Submitted)

**Mots-clés** : efficience alimentaire, alimentation de précision, biomarqueurs, bovin allaitant, équations de prédiction

# Phénotypage des ruminants d'élevage : vers des outils peu invasifs alliant la découverte de biomarqueurs avec de nouvelles méthodes d'accès aux fluides et d'analyses intégratives

**Auteur – Orateur :** Isabelle Cassar-Malek, Muriel Bonnet

**Unité :** UMRH, 1213

## Liste complète des auteurs :

Isabelle Cassar-Malek (UMRH), Laurence Bernard (UMRH), Céline Boby (UMRH), Anne de la Torre (UMRH), Carole Delavaud (UMRH), Mylène Delosière (UMRH), Yannick Faulconnier (UMRH), Alyssa Imbert (UMRH), Christine Leroux (UMRH), Anne Listrat (UMRH), José Pires (UMRH), Jérémy Tournayre (UMRH), Muriel Bonnet (UMRH)

## Grand Objectif scientifique :

GOS 5 – Priorité 1

## Résumé :

L'un des objectifs pour des systèmes d'élevage durables consiste à optimiser les caractéristiques phénotypiques associées aux performances de production et aux capacités d'adaptation, dans des contextes de production variés et sous une large gamme de conditions climatiques et de pratiques agroécologiques. Pour y parvenir, il est nécessaire de disposer d'outils pour faciliter le phénotypage, prédire et piloter leurs performances et adaptation, et la qualité de leurs produits.

Au cours des deux dernières décennies, nous avons conduit des recherches sur les ruminants visant à découvrir des biomarqueurs de leurs caractéristiques phénotypiques à partir des tissus d'intérêt en utilisant des approches moléculaires (protéomique, transcriptomique, métabolomique...). Cela a notamment permis d'identifier des biomarqueurs musculaires vérifiés et qualifiés, pour les qualités de la viande et des carcasses bovines<sup>1-5</sup>. L'étape ultime est le développement d'une méthode de quantification rapide de ces biomarqueurs basée sur une technologie ELISA microfluidique<sup>6</sup> (projet prématuration Quantibeef).

Les fluides biologiques comme le lait et le plasma sont des matrices prometteuses pour la découverte de biomarqueurs peu invasifs pour évaluer l'efficacité alimentaire, les qualités de la viande et du lait ou la résilience des ruminants. L'expérience acquise dans la recherche de biomarqueurs a été appliquée au lait de ruminants pour l'identification de métabolites ou miARN associés au bilan énergétique<sup>7,8</sup>, de protéines et lipides liés à la lipolyse du lait<sup>9,10</sup>, ainsi qu'au plasma pour la tendreté<sup>11</sup> et l'adiposité des viandes. Nous explorons également le matrisome<sup>12</sup> et la diversité moléculaire des vésicules extracellulaires présentes dans le lait<sup>13</sup> et le plasma<sup>14</sup> comme nouvelles sources de biomarqueurs, du fait de leur potentiel pour expliquer/comprendre le dialogue inter organes. Parallèlement, nous travaillons sur le développement de méthodes d'analyse de données (intégration de données d'origine diverse, bioinformatique<sup>15,16</sup>) pour identifier les molécules discriminantes<sup>17</sup> et proposer une signature moléculaire optimale ou prédire les protéines impliquées dans le dialogue inter organes.

L'ensemble de ces recherches, basées sur une approche intégrée et multidisciplinaire, vise à créer des outils peu invasifs qui combinent une diversité d'indicateurs (biomarqueurs, variables phénotypiques, imagerie) et l'utilisation de l'intelligence artificielle pour le phénotypage des ruminants, en particulier de bovins viande issus du troupeau laitier, élevés dans des environnements variables (ressources, températures). Les projets en cours offrent des perspectives prometteuses pour innover grâce à de nouveaux biomarqueurs, au développement de nouvelles méthodes d'accès aux fluides (capteurs, spectres MIR...) et d'analyse (nanotechnologie pour la quantification des molécules, imagerie...). Ces technologies joueront un rôle crucial pour répondre aux nouveaux enjeux de l'élevage.

## Références bibliographiques :

1. Bazile J., Picard B., Chambon C., Valais A., Bonnet M. (2019). Pathways and biomarkers of marbling and carcass fat deposition in bovine revealed by a combination of gel-based and gel-free proteomic analyses. *Meat Science*, 156, 146-155, 10.1016/j.meatsci.2019.05.018
2. Gagaoua M., Hughes J., Terlouw C., Warner R., Purslow P., Lorenzo J., Picard B. (2020). Proteomic biomarkers of beef colour. *Trends in Food Science and Technology*, 101, 234-252, 10.1016/j.tifs.2020.05.005,

3. Bonnet M., Soulat J., Bons J., Leger S., De Koning L., Carapito C., Picard B. (2020). Quantification of biomarkers for beef meat qualities using a combination of Parallel Reaction Monitoring- and antibody-based proteomics. *Food Chemistry*, 317, 126376, 10.1016/j.foodchem.2020.126376
4. Gagaoua M., Bonnet M., Picard B. (2020). Protein Array-Based Approach to Evaluate Biomarkers of Beef Tenderness and Marbling in Cows: Understanding of the Underlying Mechanisms and Prediction. *Foods*, 9 (9), 1180, 10.3390/foods9091180
5. Picard B., Cougoul A., Couvreur S., Bonnet M. 2023. Relationships between the abundance of 29 proteins and several meat or carcass quality traits in two bovine muscles revealed by a combination of univariate and multivariate analyses. *Journal of Proteomics* 273, 104792, 10.1016/j.jprot.2022.104792.
6. Aldo P., Marusov G., Svancara D., David J., Mor G. (2016). Simple Plex™ : A Novel Multi-Analyte, Automated Microfluidic Immunoassay Platform for the Detection of Human and Mouse Cytokines and Chemokines. *American J Rep Immunol*, 75 :678–693. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/aji.12512>
7. Delosière M., Pires J., Bernard L., Cassar-Malek I., Bonnet M. (2019). Milk proteome from in silico data aggregation allows the identification of putative biomarkers of negative energy balance in dairy cows. *Scientific Reports*, 9, 10.1038/s41598-019-46142-7
8. Pires J., Larsen T., Leroux C. (2022). Milk metabolites and fatty acids as noninvasive biomarkers of metabolic status and energy balance in early-lactation cows. *Journal of Dairy Science*, 105 (1), 201-220, 10.3168/jds.2021-20465
9. Delosière M., Pires J., Bernard L., Cassar-Malek I., Bonnet M. (2019). Milk proteome from in silico data aggregation allows the identification of putative biomarkers of negative energy balance in dairy cows. *Scientific Reports*, 9, 10.1038/s41598-019-46142-7
10. Bernard L., Delosière M., Hurtaud C., Imbert A., Viala D., Cebo C., Bonnet M. Submitted. Polar lipids and proteins in milk fat globule membranes as players in spontaneous lipolysis in cow's milk.
11. Boudon S., Ounaissi D., Viala D., Monteils V., Picard B., Cassar-Malek I. (2020). Label free shotgun proteomics for the identification of protein biomarkers for beef tenderness in muscle and plasma of heifers. *Journal of Proteomics*, 217, 10.1016/j.jprot.2020.103685
12. Listrat A., Boby C., Tournayre J., Jousse C. (2023). Bovine extracellular matrix proteins and potential role in meat quality: First in silico *Bos taurus* compendium. *Journal of Proteomics*, 279, 104891, 10.1016/j.jprot.2023.104891
13. Boby C., Delavaud A., Pires J., Monfoulet L., Bes S., Emery S., Bernard L., Leroux C., Imbert A., Turret M., Fournier F., Roux D., Sauerwein H., Bonnet M. (2023-08-28). Characterization of milk small extracellular vesicles to study adaptation to lactation in ruminants. Presented at 74th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Lyon, France (2023-08-28), 10.3920/978-90-8686-936-7
14. Thèse en cours de Vincent Prieur. Le contenu moléculaire des petites vésicules extracellulaires plasmatiques et des tissus des génisses est-il en lien avec des variations d'efficacité alimentaire, de qualités de viande, et de composition corporelle ?
15. Connault M., Tournayre J., Boby C., Bonnet M., Goue N. (2021-07-06). Talkmine, a workflow for the prediction of the interactions between secretome and surfaceome in the dialogue between cellular types. Presented at JOBIM, Paris - (Congrès virtuel), France (2021-07-06)
16. Bonnet M., Kaspric N., Vonnahme K., Viala D., Chambon C., Picard B. (2020). Prediction of the Secretome and the Surfaceome: A Strategy to Decipher the Crosstalk between Adipose Tissue and Muscle during Fetal Growth. *International Journal of Molecular Sciences*, 21 (12), 4375, 10.3390/ijms21124375.
17. Cassar-Malek I., Imbert A., Delavaud A., Sauerwein H., Bruckmaier R., Cantalapiedra-Hijar G., Bonnet M. (2023-08-26). Contribution of plasma proteins to the phenotypic signature of feed efficiency in Charolais bulls. Presented at Book of Abstracts of the 74. Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Lyon, France (2023-08-26), <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-04196752>

**Mots-clés :** ruminants, phénotypage, performances, adaptation, qualité, lait viande, data mining

## L'UE Herbipôle innove pour le phénotypage haut débit au service de la transition agroécologique

**Auteur – Orateur :** Bouchon Matthieu – Fournier Florence – Sepchat Bernard

**Unité :** UE1414 Herbipôle

**Liste complète des auteurs :** Bouchon Matthieu, Florence Fournier, Bernard Sepchat – UE 1414 Herbipôle – Theix – 63122 SAINT-GENES-CHAMPANELLE

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 5 – Priorité 2

### Résumé :

Les expérimentations menées à l'UE Herbipôle contribuent à la recherche d'animaux adaptés à la transition agroécologique dans un contexte de changement climatique. A ce titre, l'UE utilise des outils de phénotypage issus de dispositifs commerciaux ou conçus en interne. Les financements accordés par le département PHASE ces 10 dernières années ont notamment permis la mise au point de stalles de digestibilité « 5 étoiles », de dispositifs de mesure de la production laitière (PL) des vaches allaitantes (VA) et d'un outil d'automatisation de traitement de données comportementales issus d'outils d'élevage de précision. Au-delà de leur phase de développement, ces outils sont aujourd'hui largement utilisés sur nos sites... et au-delà. Les recherches sur l'alimentation des ruminants reposent notamment sur la connaissance de la digestibilité des aliments et des rations. Pour ce faire, les animaux sont isolés pendant une durée de 5 à 10 jours, dans un environnement contraignant. Afin d'améliorer les conditions de réalisation de ces mesures, nous avons développé de nouvelles stalles de digestibilité. Celles-ci permettent d'améliorer le bien-être animal, le confort, la sécurité des intervenants et d'automatiser les mesures. Ces stalles sont modulables en fonction du format des animaux. Suite au développement d'un prototype, l'UE s'est doté de 7 stalles supplémentaires. In fine, cela permet d'améliorer la qualité des mesures et prélèvements réalisés dans le cadre des travaux de recherche menés sur l'UE (Bellagi et al 2021).

Pour quantifier la PL des VA, la méthode de référence consistant à peser le veau avant et après tétée est contraignante à mettre en œuvre en routine. Nous avons développé un outil qui automatise cette mesure. Les veaux circulent librement entre leur parc et celui de leur mère et sont identifiés et pesés automatiquement à chaque aller-retour. Un logiciel transforme ces différences de poids en kg de lait. Ainsi nous pouvons estimer de façon fiable la PL des VA (Sepchat et al, 2023). Cette technique est aujourd'hui utilisée en routine à Herbipôle et en cours de déploiement dans d'autres instituts. Ces mesures ont notamment permis de mettre à jour le calcul des besoins liés à la PL pour les recommandations alimentaires des VA (INRA 2018). Elles contribuent également à la réduction de la consommation de concentré par les veaux.

En plus des dispositifs conçus en interne, l'UE a recours à des outils du commerce, dont l'utilisation peut être adaptée aux besoins expérimentaux. C'est le cas des colliers de détection de chaleurs Medria, dont les données prétraitées d'activité alimentaire et de posture peuvent être récupérées. Pour rendre ces données facilement exploitables, nous avons développé un outil, accessible en ligne : AUTOMNE (Bouchon et al., 2024). L'algorithme permet, par exemple, de réaliser des suivis fins du comportement des animaux pour agir en faveur de leur bien-être ou d'étudier le lien comportement - efficacité - émissions de méthane entérique.

### Références bibliographiques :

- Rama BELLAGI et al, Digestibility and intake become repeatable traits in young bulls with at least 7 days of measurement, EAAP - 72nd Annual Meeting, Davos, Switzerland, 2021
- Bernard SEPCHAT et al., Characterization and main factors of variation of milk production in suckler cows, EAAP – 74th Annual Meeting, Lyon, France, 2023
- Alimentation des ruminants - INRA 2018
- Matthieu BOUCHON et al., Utilisation de capteurs commerciaux non invasifs pour le suivi quotidien des bovins laitiers expérimentaux, NOVAE 2024

**Mots-clés :** Outils de phénotypage, Elevage, Agroécologie

## Vers une prédiction automatique des besoins nutritionnels et du bien-être de chaque truie gestante

**Auteur – Orateur :** Charlotte Gaillard

**Unité :** 1348 PEGASE

**Liste complète des auteurs :** Maëva Durand (PEGASE), Christine Largouët (IRISA), Louis Bonneau de Beaufort (IRISA)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 5 – Priorité 2

### Résumé :

L'élevage sur mesure implique l'utilisation de nombreuses technologies (capteurs, automates) qui enregistrent automatiquement une grande quantité de données informant sur la production et le comportement de l'animal et /ou du groupe. Ces données peuvent constituer une opportunité d'automatiser le calcul des besoins nutritionnels afin de faciliter la mise en place d'une alimentation sur mesure (c'est-à-dire ajustée aux besoins en nutriments de chaque animal) ainsi que l'évaluation de leur bien-être.

En effet, les besoins nutritionnels des truies gestantes sont actuellement estimés par un modèle mécaniste nécessitant des données d'entrée (ex. épaisseur de lard, âge) qui doivent être enregistrées manuellement ce qui représente un frein vers l'automatisation de ces estimations. Des méthodes d'apprentissage automatique ont été évaluées pour prédire les besoins quotidiens en nutriments (énergie et lysine) des truies gestantes, en utilisant uniquement les données des capteurs et automates fournies par des fermes numériques de différentes configurations. Les résultats des prédictions ont été comparés à ceux prédits par le modèle mécaniste. Les meilleures prédictions des besoins en lysine ( $R^2 = 0,99$ ) et en énergie ( $R^2 = 0,95$ ) sont obtenues pour les scénarios incluant les données de l'automate d'alimentation (durée et nombre de visites journalières) couplées à celles d'un autre automate (abreuvoir ou balance) ou capteur (accéléromètre). Ces résultats montrent que les besoins individuels quotidiens en nutriments des truies gestantes peuvent être prédits avec précision grâce aux données fournies par certains capteurs ou automates en élevage en les associant à des méthodes de machine learning. Ces nouvelles technologies offrent des solutions pour la mise en place de l'automatisation de l'alimentation sur mesure dans les élevages selon leurs équipements, une stratégie d'alimentation qui permet d'améliorer l'efficacité et le coût alimentaire ainsi que de réduire les impacts environnementaux.

De la même façon, des méthodes d'apprentissage automatiques ont été appliquées à des données comportementales afin d'estimer le bien-être individuel des truies gestantes. Une méthode de clustering appliquée à des données comportementales individuelles (activité physique, interactions sociales) enregistrées manuellement à partir de vidéos a permis d'identifier 3 états de bien-être des truies (gold standard). Un arbre de décision a ensuite été développé pour classer les truies en fonction des états de bien-être identifiés précédemment. Cet arbre est appliqué sur certaines données comportementales enregistrées automatiquement (par les automates d'alimentation et par un logiciel d'analyse de vidéos). Les prédictions ont atteint une précision de plus de 80 % démontrant le potentiel d'un système automatisé d'aide à la décision pour catégoriser le bien-être des truies en gestation.

### Références bibliographiques :

- Durand M., Largouët C., Bonneau de Beaufort L., Dourmad JY., Gaillard C. 2023. Estimation of gestating sows' welfare status based on machine learning methods and behavioral data. *Scientific Reports*, 13:21042
- Durand M., Largouët C., Bonneau de Beaufort L., Dourmad JY., Gaillard C. 2023 Prediction of the daily nutrient requirements of gestating sows based on sensor data and machine-learning algorithms. *Journal of Animal Science*, 101, doi: 10.1093/jas/skad337

**Mots-clés :** Machine learning, Elevage sur mesure, Nutrition, Bien-être, Truie gestante

## L'imagerie : des mesures de morphologies aux estimations de la composition corporelle des ruminants

**Auteur – Orateur :** Le Cozler Yannick

**Unité :** UMR 1348, PEGASE

### Liste complète des auteurs :

Le Cozler Yannick, Xavier Caroline, UMR 1348 PEGASE

Meunier Bruno, De la Torre Anne, Pires José et Bonnet Muriel, UMR 1213 HERBIVORES

Lerch Sylvain, Agroscope (Suisse)

### Grand Objectif scientifique :

GOS 5 – Priorité 2

### Résumé

La caractérisation de critères en lien avec l'adaptation, l'efficacité et la résilience présente un grand intérêt chez les animaux de rente. Ils sont désormais mesurables par de nouveaux outils et approches basés sur l'utilisation du numérique et de l'imagerie en 2 et surtout 3 dimensions. Non invasifs et non-destructifs, ces outils fournissent de nouvelles potentialités pour un suivi fin et dynamique tout en réduisant l'intervention humaine dans l'expérimentation et l'élevage, et en respectant le bien-être des animaux. Les outils basés sur l'imagerie 3D ont d'abord été utilisés pour l'analyse de critères morphologiques classiques (tour de poitrine, hauteur au garrot...) ou non (surface, volume) chez les bovins (Le Cozler et al., 2019 a, b). Des suivis de génisses de race Holstein lors de leur croissance (Le Cozler et al., 2022) et de vaches après vêlage (Xavier et al., 2022a) ont aussi démontré que la croissance continuait en 2<sup>ème</sup> et 3<sup>ème</sup> lactation. Ces outils ont aussi capturé la dynamique morphologique selon les compartiments corporels (abdomen, tissus musculaires...), et établi de 1<sup>ères</sup> relations entre efficacité alimentaire et volume ruminal des vaches laitières (Lebreton et al., 2020, 2021). Les outils basés sur l'imagerie 3D ont été comparés à d'autres équipements déjà éprouvés mais plus coûteux afin d'estimer la composition corporelle chez la chèvre laitière (projet CompoRum; Lerch et al., 2021). Par la suite, les projets Comère et CompoMeat 3D chez les bovins (Xavier et al., 2022b ; Xavier et al., 2024) ont confirmé qu'il était possible d'estimer la composition chimique du vivant des animaux. En parallèle, l'outil Meat@ppli basé sur l'analyse d'image 2D d'une côte de bœuf prélevée à l'abattoir permet d'estimer la composition tissulaire et le persillé de l'entrecôte de la 6<sup>ème</sup> côte (Meunier et al., 2021). Cette approche a également été testée avec succès sur la 11<sup>ème</sup> côte (Xavier et al., 2023), dans le cadre de collaborations avec les équipes d'Agroscope (Suisse), partenaire privilégié de ces études. Ces applications font l'objet de déclarations d'inventions. Des outils similaires sont aujourd'hui testés sur le terrain à grande échelle par un autre partenaire historique et privilégié (Idele), via les projets Phéno3D et Meat@appli. Ces dispositifs équiperont bientôt de nouvelles unités expérimentales du département qui, impliquées dans des projets en cours d'évaluation (PEPR iREACT, Carnot F2E), pourront mettre en œuvre des approches automatisées à haut débit et fournir de nouveaux proxies d'intérêt sur animaux vivants. Les applications visées sont par exemple de suivre l'évolution du rendement en pièces bouchères d'intérêt au cours de la croissance, d'adapter et/ou de corriger les stratégies d'élevages et d'alimentation pour une utilisation raisonnée des ressources cruciale pour toute approche agroécologique. Ces critères peuvent donc être mesurés au niveau individuel et en dynamique grâce à l'imagerie. Ils seront à interfacer avec des simulateurs numériques des performances et des proxies moléculaires mesurés à certains stades clés afin d'élaborer des outils d'aide à la décision pour favoriser la multi-performance des animaux et des systèmes d'élevage et le développement de l'élevage sur mesure.

### Références bibliographiques :

Lebreton A, Le Cozler Y, Gulloux M, Faverdin P 2020. Estimation des variations du contenu du rumen à partir d'images 3D de l'abdomen. Rencontres Recherches Ruminants, 25, 60

Lebreton A, Faverdin P, Le Cozler Y 2021. Interest of 3D imaging technology to study feed efficiency in dairy cows. 72<sup>th</sup> EAAP Congress, Davos, Switzerland. pp 157. [hal-03359886](https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-03359886)

Le Cozler Y, Allain A, Caillot A, Delouard JM, Delattre L, Luginbuhl T, Faverdin P 2019a. High precision scanning system for complete 3D cow body shape imaging and analyzing morphological traits. Computers and Electronics in Agriculture 157,447-453 (doi



10.1016/j.compag.2019.01.019)

Le Cozler Y, Allain A, Xavier C, Depuille L, Caillot A, Delouard JM, Delattre L, Luginbuhl T, Faverdin P 2019b. Volume and surface area of Holstein dairy cows calculated from complete 3D shapes acquired using a high-precision scanning system: Interest for body weight estimation. *Computers and Electronics in Agriculture* 165 (doi 10.1016/j.compag.2019.104977)

Le Cozler Y, Brachet E, Bourguignon L, Delattre L, Luginbuhl T, Faverdin P 2022. Three-dimensional (3D) imaging technology to monitor growth and development of Holstein heifers and estimate body weight, a preliminary study. *Sensors* 4635 (doi : 10.3390/s22124635)

Lerch S, De La Torre A, Huau C, Monziols M, Xavier C, Louis L, Le Cozler Y, Faverdin P, Lambertson P, Chery I, Heimo D, Loncke C, Schmidely P, Pires J 2021. Estimation of dairy goat body composition: A direct calibration and comparison of eight methods. *Methods* 186, 68-78. (10.1016/j.ymeth.2020.06.014)

Meunier B, Normand J, Albouy-Kissi B, Micol D, El Jabri M, Bonnet M 2021. An open-access computer image analysis (CIA) method to predict meat and fat content from an android smartphone-derived picture of the bovine 5<sup>th</sup>-6<sup>th</sup> rib. *Methods* 186, 79-89 (doi 10.1016/j.ymeth.2020.06.023)

Xavier C, Le Cozler Y, Depuille L, Caillot A, Lebreton A, Allain C, Delouard JM, Delattre L, Luginbuhl T, Faverdin P, Fischer A 2022a. The use of 3-dimensional imaging of Holstein cows to estimate body weight and monitor the composition of body weight change throughout lactation. *Journal of dairy Science* 105, 4508-4519 (doi 10.3168/jds.2021-21337)

Xavier C, Driesen C, Siegenthaler R, Dohme-Meier F, Le Cozler Y, Lerch S 2022b. Estimation of empty body and carcass chemical composition of lactating and growing cattle: comparison of imaging, adipose cellularity, and rib dissection methods. *Translational Animal Science*, 6(2): txac066 (doi 10.1093/tas/txac066)

Xavier C, Meunier B, Morel I, Delahaye Q, Le Cozler Y, Bonnet M, Lerch S 2023. Estimation of rib composition and intramuscular fat from DXA or smartphone imaging in crossbred bull. In: Book of abstracts of the 74<sup>th</sup> Annual meeting of the European Federation of Animal Science. 26. August - 1. September, Publ. EAAP, Lyon (FR), 191

Xavier C, Morel I, Siegenthaler R, Dohme-Meier F, Bressy P, Luginbühl T, Le Cozler Y, Lerch S 2024. Three-dimensional (3D) imaging to estimate *in vivo* body and carcass chemical composition of growing crossbred bulls. *Animal* 18 (6), pp.101174. (doi 10.1016/j.animal.2024.101174)

**Mots-clés :** Technologies numériques, imagerie, non-invasif, phénotypage, haut-débit, élevage de précision

## Le WoW : une plateforme intégrée, un algorithme (*Kfino*) et une web app (ORIOLE) pour l'autopesée des ovins dans un éventail de systèmes

**Auteur – Orateur :** Eliel González-García

**Unité :** 0868 SELMET

**Liste complète des auteurs :** Irene Llach (SELMET), Isabelle Sanchez (MISTEA), Bertrand Cloez (MISTEA)

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 5 – Priorité 2

### Résumé :

Le monitoring du poids vif (**PV**) est une mesure conventionnelle pour le suivi de l'état corporel individuel et pour la conduite du troupeau (ex. gains de poids, état de santé, potentiel bouchère ou pour établir des calendriers d'abattage). En intérieur (élevage hors sol) cette mesure est relativement facile, bien que chronophage et laborieuse. Par contre, suivre le PV dans des élevages en l'extérieur peut devenir une tâche difficile. Pour surmonter cette difficulté et conforter nos projets autour des capacités adaptatives des animaux dans des conditions contraignantes (où le PV est contrôlé régulièrement), nous avons conçu un prototype de pesage automatisé pour les petits ruminants, en utilisant le concept d'autopesée (*Walk-over-Weighing*, **WoW**), combiné à l'identification électronique. Le WoW a été conçu pour être léger, résistant, transportable et autonome en énergie. Le PV est collecté lorsque l'animal traverse librement la plateforme, stratégiquement placée dans un chemin obligatoirement emprunté par l'animal, combiné à une zone attractive pour stimuler le passage (avec abreuvoir, sels minéraux et autres objets pour le bien-être). Des éléments pratiques et théoriques autour de l'efficacité du système ont été validés dans une série d'expériences, dans une gamme de situations d'élevage variées (à l'intérieur et à l'extérieur, intensives ou extensives). La phase d'adaptation (cf. temps requis pour réaliser des passages volontaires individuels), le nombre de visites quotidiennes ainsi que la proportion des enregistrements des PV biologiquement valides, interprétables ont été analysés. Nos résultats montrent la faisabilité de l'enregistrement de PV avec passage libre et volontaire des animaux avec un flux contrôlé sur la plateforme. Après 2 à 3 semaines d'adaptation, 100% des animaux traversent quotidiennement. Quelques facteurs liés au comportement (ex. vitesse de passage) et à l'instinct grégaire des ovins affectent la quantité d'observations et provoquent des valeurs aberrantes. Cela limite l'adoption de WoW par les éleveurs et autres utilisateurs finaux. Son utilisation, de manière automatisée et non invasive, impliquerait donc le filtrage des bases de données brutes, pour supprimer les valeurs aberrantes et conserver les correctes, permettant l'interprétation correcte des PVs quotidiens, individuels. Nous avons donc développé un algorithme pour la détection automatique des valeurs aberrantes générées par le WoW (**kfino** ; <https://arxiv.org/abs/2208.00961>). Puis, l'application web **ORIOLE** a été développée (en utilisant **Kfino**) et déployée (<https://oriole.sk8.inrae.fr/>) avec la bibliothèque Shiny du logiciel R. **ORIOLE** permet aux utilisateurs d'importer, détecter et éliminer les valeurs aberrantes pour une prédiction du PV précise et automatique. L'utilisation du WoW peut contribuer à économiser du travail et du temps tout en fournissant des informations en temps opportun pour améliorer la productivité et le bien-être animal dans une diversité de conditions d'élevage.

### Références bibliographiques :

- [1] González-García, E., Sanchez, I., Fontes, B., Cloez, B. 2024. Applying KFINO (Kalman filter with impulse noised outliers) for the automatic detection of outliers generated by the walk-over-weighing technology in livestock systems. *Computer and Electronics in Agriculture* (Submitted).
- [2] Cloez, B., Fontes, B., González-García, E., Sanchez, I. 2024. Kalman filter with impulse noised outliers: a robust sequential algorithm to filter data with a large number of outliers. *The International Journal of Biostatistics* (<https://doi.org/10.1515/ijb-2023-0065>).
- [3] Sanchez, I., González-García, E., Fontes, B., Cloez, B. 2023. **ORIOLE**: a web application for cleaning data from the walk-over-weighing device in livestock systems. In Book of Abstracts, 74rd Annual Meeting of European Federation of Animal Science, August 26<sup>th</sup> / September 1<sup>st</sup>, Lyon, France.

- [4] González-García, E. 2023. Conception, design and evaluation of a Walk-over-Weighing (WoW) for sheep. 26<sup>ème</sup> édition Congrès international francophone 3R (Rencontres Recherches Ruminants). Webinaire Satellite Projet CASDAR OtoP-3D, AFZ, INRAe, IDELE, Jan 2023, Par visioconférence, France (<https://hal.inrae.fr/hal-03940435>).
- [5] Leroux, E., I. Llach, G. Besche, J.-D. Guyonneau, D. Montier, P.-M. Bouquet, I. Sanchez, E. González-García. 2023. Evaluating a Walk-over-Weighing system for the automatic monitoring of growth in post-weaned Mérinos d'Arles ewelambs under Mediterranean grazing conditions. *animal -open space* (<https://doi.org/10.1016/j.anopes.2022.100032>).
- [6] González-García E., Alhamada M., H. Nascimento, D. Portes, G. Bonnafe, C. Allain, I. Llach, P. Hassoun, J. M. Gautier and S. Parisot. 2021. Measuring liveweight changes in lactating dairy ewes by using an automated walk-over-weighing system. *Journal of Dairy Science* 104:5675–5688 (<https://doi.org/10.3168/jds.2020-19075>).
- [7] González-García, E., Alhamada, M., Pradel, J., Douls, S., Parisot, S., Bocquier, F., Menasol, Llach, I., González, L.A. 2018. A mobile and automated walk-over-weighing system for a close and remote monitoring of liveweight in sheep. *Computers and Electronics in Agriculture*, 153, 226–238. (<https://doi.org/10.1016/j.compag.2018.08.022>).
- [8] González-García, E., de Oliveira Golini, P., Hassoun, P., Bocquier, F., Hazard, D., González, L.A., Ingham, A.B., Bishop-Hurley G.J., Greenwood, P.L. 2018. An assessment of walk-over-weighing to estimate short-term individual forage intake in sheep. *Animal* 12:6, 1174–1181 (<https://doi:10.1017/S1751731117002609>).

**Mots-clés :** Poids vif ; autopesée ; systèmes ovins ; données aberrantes ; algorithmes ; application web

# Comprendre les impacts des changements d'échelle sur les gains d'efficacité des systèmes bovins allaitants dans les pâturages dans le Massif Central : une approche de modélisation.

**Auteur – Orateur :** Hieu Nguyen-Ba

**Unité :** UMR 1213 Herbivores

**Liste complète des auteurs :** Hieu Nguyen-Ba<sup>1</sup> and Aart van der Linden<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Université Clermont Auvergne, INRAE, VetAgro Sup, UMR 1213 Herbivores, 63122 Saint-Genès-Champanelle, France

<sup>2</sup> Animal Production Systems Group, Wageningen University & Research, PO Box 338, 6700 AH Wageningen, the Netherlands

**Grand Objectif scientifique :**

GOS 5 – Priorité 3

## Résumé :

L'amélioration de l'efficacité d'animaux grâce à la sélection génétique, l'alimentation plus riche en nutriments et des pratiques plus intensives est souvent suggérée comme une solution pour améliorer la durabilité dans la production de la viande bovine (Capper, 2011). En France, malgré des progrès significatifs en matière de sélection animale et une augmentation de l'utilisation de concentrés, Veysset et Boukhriess (2021) ont signalé une baisse de l'efficacité des intrants intermédiaires (par exemple, les concentrés et les engrais de synthèse) de 0,55 % par an au cours des 20 dernières années. De plus, l'empreinte carbone de la viande bovine en France n'a pas diminué sur une période de 30 ans (Gac et al., 2016). L'objectif de cette étude conjointe INRAE-WUR était de comprendre pourquoi l'amélioration de l'efficacité à l'échelle de l'animal ne se traduit pas nécessairement à des échelles supérieures. Nous avons comparé l'efficacité alimentaire (EA) et l'efficacité d'utilisation d'azote (EUA) de 4 systèmes bovins allaitants en race Charolaise dans le Massif Central à l'échelle animale (sans animaux reproducteurs), à l'échelle du troupeau (avec animaux reproducteurs) et l'échelle d'exploitation (avec la production d'aliment du bétail). Ces systèmes basés sur le pâturage diffèrent en termes de production d'aliments (par exemple, pourcentage de terres dédiées à l'herbe, au foin et aux céréales pour l'alimentation du bétail), de taille de la ferme et de pratiques de gestion du troupeau (par exemple, taux du chargement, taux de réforme et avec ou sans phase d'engraissement des veaux à la ferme). Pour chaque système, la production d'herbe a été simulée à l'aide du modèle LINGRAN (Wolf, 2012), tandis que la production bovine et la gestion du troupeau ont été simulées à l'aide du modèle LiGAPS-Beef (van der Linden et al., 2018). Les flux dynamiques d'azote entre le troupeau et la prairie sous l'effet du pâturage, du dépôt de fèces et d'urine et du piétinement ont été pris en compte lorsque les deux modèles sont connectés. Les résultats préliminaires indiquent que les deux systèmes sans la phase d'engraissement avaient en moyenne un EA de 226 g de bœuf/kg MS à l'échelle de l'animal et de 35 g de bœuf/kg MS à l'échelle du troupeau. Pour les systèmes avec la phase d'engraissement, l'EA était de 128 g de bœuf/kg MS en moyenne à l'échelle de l'animal et de 48 g de bœuf/kg MS à l'échelle du troupeau. Les systèmes sans engraissement présentaient un EA plus élevé à l'échelle animale, car les veaux étaient vendus à un plus jeune âge et recevaient donc une plus grande part de leurs besoins nutritionnels par le lait. Cependant, à l'échelle du troupeau, ces exploitations avaient une EA plus faible car les veaux étaient vendus à des poids plus faibles. Les résultats d'EUA ont montré une tendance similaire : les systèmes sans phase d'engraissement avaient une EUA plus élevée à l'échelle de l'animal (34,2 % contre 19,8 %), mais une EUA plus faible à l'échelle du troupeau (6,6 % contre 7,4 %) par rapport aux systèmes avec phase d'engraissement. À l'échelle de l'exploitation, la plus haute de l'EUA (20,5 %) a été observée dans l'exploitation la plus extensive qui n'engraissait pas les veaux à la ferme et s'appuyait principalement sur les prairies pour nourrir le troupeau. L'EUA des trois autres exploitations était similaire, avoisinant environ 15 %. La prochaine étape sera l'évaluation d'autres indicateurs environnementaux (émissions de GES, surplus d'azote) pour chaque type d'exploitation à différentes échelles. Enfin, une simulation rétrospective sera réalisée pour comparer les résultats actuels avec les performances des conditions agricoles d'il y a 20 ans afin de mieux comprendre la diminution des efficacités à des échelles supérieures au fil des décennies.

## Références bibliographiques :

Capper JL 2011. The environmental impact of beef production in the United States: 1977 compared with 2007. *Journal of Animal Science* 89, 4249–4261.

- Gac A, Chambaut H, Perrot C, Lorilloux A and Mosnier C 2016. Environmental footprint of milk and meat from the French cattle sector: progresses since 1990 and future trends to 2035. LCA Food 2016, Dublin, Ireland.
- van der Linden A, Oosting SJ, van de Ven GWJ, Veysset P, de Boer IJM and van Ittersum MK 2018. Yield gap analysis of feed-crop livestock systems: The case of grass-based beef production in France. *Agricultural Systems* 159, 21–31.
- Veysset P and Boukhriss S 2021. Gains de productivité et évolution de la rentabilité des élevages bovins français sur trois décennies (1988-2018). *Économie rurale* 378, 119–135.
- Wolf, J., 2012. User guide for LINGRA-N: Simple generic model for simulation of crop growth under potential, water limited and nitrogen limited conditions. Wageningen University & Research, Wageningen, the Netherlands.

**Mots-clés** : Efficience alimentaire, Pâturage, Bovin allaitant, impacts environnementaux, Modélisation

## Peer Community In Animal Science: un modèle de publication libre pour une science transparente et ouverte

**Auteur – Orateur :** Rafael Muñoz-Tamayo

**Unité :** 0791 – UMR MoSAR ; 1348 – UMR PEGASE

### Liste complète des auteurs :

Rafael Muñoz-Tamayo <sup>1\*</sup>, Karol B Barragán-Fonseca <sup>2</sup>, Mohammed Gagaoua <sup>3</sup>, Rachel Gervais <sup>4</sup>, Florence Gondret <sup>3</sup>, Francois Meurens <sup>5</sup>, I. Anna S. Olsson <sup>6</sup>, Seyed Abbas Rafat <sup>7</sup>, Yulixaxis Ramayo-Caldas <sup>8</sup>

<sup>1</sup> UMR MoSAR ; <sup>2</sup> Universidad Nacional de Colombia ; <sup>3</sup> UMR PEGASE ; <sup>4</sup> Université Laval, Québec, Canada; <sup>5</sup> University of Montreal, Canada; <sup>6</sup> Universidade do Porto, Portugal; <sup>7</sup> University of Tabriz, Tabriz, Iran ; <sup>8</sup> Institute of Agrifood Research and Technology, Spain

**Grand Objectif scientifique :** Hors Gos : **OP 1.3 Ouvrir la science et partager les connaissances**

**Résumé :** La mise en œuvre de pratiques de science ouverte (SO) vise à garantir l'accessibilité, la reproductibilité et la transparence de la recherche. L'adoption de ces pratiques en SO dans le domaine des sciences animales n'en est toutefois qu'à ses débuts. Nous avons proposé sept étapes pour améliorer l'adoption des pratiques en SO par les scientifiques spécialisés en sciences animales, y compris la reproductibilité et la transparence des données (Muñoz-Tamayo et al. 2022). Les actions en SO incluent la bibliodiversité qui encourage le développement de modèles de publication équitables pour permettre la démocratisation des connaissances et la minimisation des coûts que les institutions assignent aux publications scientifiques. Nous promovons l'initiative Peer Community In (PCI) Animal Science (<https://animsci.peercommunityin.org/>), qui représente une alternative au système de publication actuel dans le cadre du projet "Peer Community In" (<https://peercommunityin.org/>). PCI Animal Science constitue une communauté internationale de chercheurs en sciences animales, initiée par des chercheurs du département PHASE d'INRAE. Elle rassemble une communauté internationale de chercheurs en sciences animales membres du conseil d'administration ou éditeurs associés (*recommenders*). Cette initiative s'aligne sur l'un des objectifs scientifiques du département PHASE visant à promouvoir les SO dans le cadre de la stratégie SO d'INRAE. PCI Animal Science est une initiative à but non lucratif gérée par des chercheurs, tous experts dans le domaine des sciences animales. Elle réalise sans frais des évaluations ouvertes et rigoureuses de préprints déposés sur des archives tels que HAL, bioRxiv et Zenodo, couvrant un large éventail de sujets de recherche liés aux sciences animales. Sur la base d'évaluations indépendantes par des pairs (au moins deux), un *recommander* décide si un article est recommandable ou non. Actuellement, la communauté PCI Animal Science compte 74 *recommenders* issus de 24 pays. Les prépublications recommandées sont des articles originaux et citables de grande valeur scientifique qui ne nécessitent pas d'être publiés dans des revues traditionnelles. Toutefois, si les auteurs le souhaitent, ils peuvent publier gratuitement leur préprint recommandé dans le Diamond Open Access Peer Community Journal (<https://peercommunityjournal.org/section/animsci/>), indexé dans Scopus. Les auteurs peuvent également choisir de soumettre leur manuscrit recommandé à des revues compatibles avec PCI (c'est-à-dire des revues qui prennent en compte l'évaluation du PCI dans leur propre processus d'évaluation) ou même à d'autres revues. Le processus d'évaluation des manuscrits par PCI Animal Science est très simple, tant pour les auteurs que pour les évaluateurs. L'intérêt de la communauté pour la soumission et l'évaluation de ses travaux par PCI Animal Science ne cesse de croître et souligne les avantages de l'adoption de ce modèle émergent de publication.

### Références bibliographiques :

Muñoz-Tamayo R, Nielsen BL, Gagaoua M, Gondret F, Krause ET, Morgavi DP, Olsson IAS, Pastell M, Taghipoor M, Tedeschi L, Veissier I, Nawroth C (2022) Seven steps to enhance open science practices in animal science. PNAS Nexus, 1, pgac106. <https://doi.org/10.1093/pnasnexus/pgac106>

**Mots-clés :** Open Science, Open Access, Open Peer-Review, Diamond model, Preprints, Bibliodiversity



**Département Physiologie Animale et  
Systèmes d'Élevage**  
37380 Nouzilly  
Tél. : +33 2 47 42 75 58

Rejoignez-nous sur :



[https://twitter.com/INRAE\\_DPT\\_PHASE](https://twitter.com/INRAE_DPT_PHASE)

<https://www.inrae.fr>

**l'agriculture, l'alimentation et l'environnement**

**INRAE**  
la science pour la vie, l'humain, la terre