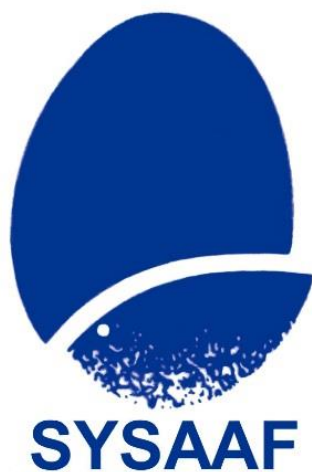


# Rapport d'Activité 2017



Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français

*"Gérer le quotidien et anticiper l'avenir"...*



## Sommaire

INTRODUCTION .....	5
I - CONTEXTE NATIONAL DANS LEQUEL S'INSCRIT L'ACTION DU SYSAAF.....	7
II - ORGANISATION FONCTIONNELLE DU SYSAAF .....	12
2-1 Gouvernance .....	12
2-2 Assemblée Générale Annuelle .....	13
2-3 Ressources humaines .....	18
2-4 Ressources financières .....	28
2-4-1 Budget annuel 2017 .....	28
2-4-2 Tarifs des prestations aux adhérents en 2017 .....	31
2-4-3 Evolution du statut fiscal du SYSAAF .....	32
2-5 Adhérents .....	32
2-6 Espèces .....	35
III - MISSIONS ET ACTIVITES DE R&D DU SYSAAF .....	40
3-1 Appui technique à la sécurisation de la diversité génétique et à la sélection génétique .....	42
3-1-1 Sélection génétique.....	42
3-1-2 Appui à la Sauvegarde des races locales de volailles .....	44
3-1-3 Cryopréservation de ressources biologiques avicoles et aquacoles .....	44
3-2 Développement de nouvelles méthodes de phénotypage bas et haut-débit et quantification de nouveaux caractères d'intérêt .....	46
3-2-1 Objectifs.....	46
3-2-2 Etat de l'art, Aléas, incertitudes scientifiques, verrous technologiques, démarche expérimentale, travaux R&D réalisés.....	47
A - Phénotypage de caractères reproductifs.....	47
B - Phénotypage des rendements de parage, de la qualité et de la composition de la chair chez la truite.....	49
C - Phénotypage de caractères de résistance aux pathologies.....	51
D - Phénotypage de caractères comportementaux et de l'efficacité alimentaire chez les volailles.....	53
3-3 Création de ressources génomiques et/ou d'outils de génotypage chez les espèces des filières avicoles et aquacoles .....	54
3-3-1 Pour caractériser, gérer et préserver le patrimoine génétique (Axe 2A).....	54
A- Objectifs.....	54
B- Etat de l'art .....	55
C - Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques .....	56
D - Travaux R&D réalisés, démarche expérimentale.....	57
E - Acquisition de connaissances.....	61
3-3-2 Pour créer des outils de génotypage haut débit spécifiques et sélectionner les populations avicoles et aquacoles (Axe 2B) .....	61
A - Objectifs.....	61
B - Etat de l'art.....	62





C - Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques .....	64
3-4 Recherche pour l'optimisation des outils informatiques et des méthodes statistiques .....	72
3-4-1 Objectifs.....	72
3-4-2 Etat de l'art, Aléas, Incertitudes scientifiques & Verrous technologiques.....	72
3-4-3 Travaux R&D réalisés, Démarche expérimentale & Résultats acquis .....	72
A - Logiciels de saisies des données : InfAvi et InfAqua .....	72
B - Chaîne commune de traitement des données (KOALA) .....	73
IV - AUTRES MISSIONS ET SERVICES DU SYSAAF .....	78
4-1 Référentiel et Audits .....	78
4-2 Prestations et/ou Services adhérents et externes .....	80
4-3 Service analyse de ploïdie chez les espèces aquacoles .....	80
4-4 Service d'appui à la réalisation de génotypage et séquençage .....	80
4-5 Service de formation professionnelle et enseignements dispensés .....	80
4-6 Communication .....	81
V - PARTENARIATS DU SYSAAF .....	82
5-1 Les partenariats institutionnels .....	82
5-2 Les partenariats avec les organismes de Recherche et de Développement .....	82
5-3 Les partenariats avec les partenaires du secteur privé .....	84
VI - EN RESUME, QUELQUES FAITS MARQUANTS DE L'ANNEE 2017 .....	86
Annexe 1 : Coordonnées des adhérents aquacoles du SYSAAF au 1 <sup>er</sup> janvier 2018.....	89
Annexe 2 : Coordonnées des adhérents avicoles du SYSAAF au 1 <sup>er</sup> janvier 2018 .....	93
Annexe 3 : Liste des programmes expérimentaux impliquant le SYSAAF en cours de réalisation en 2017 et faisant l'objet d'une fiche de présentation. ....	96
Annexe 4 : Liste des publications-communications des agents du SYSAAF en 2016.....	124
Annexe 5 : Formations suivies par les agents du SYSAAF en 2017 .....	129
Annexe 6 : Formations et enseignements organisés et/ou assurés par les agents du SYSAAF en 2017 .....	130
Annexe 7 : Référentiel & Audits : les chiffres clés.....	131
Annexe 8 : Démarche Qualité .....	132
Annexe 9 : Analyse de ploïdie par cytométrie de flux .....	133
Annexe 10 : Liste des Activités de Gestion Administratives et Financières.....	134
Annexe 11 : Liste et nature des implications d'agents ou adhérents du SYSAAF présents dans les instances décisionnelles de structures partenaires.....	135
Annexe 12 : Ordre du Jour de l'Assemblée Générale Ordinaire du SYSAAF du 31 Mai 2017.....	136
Annexe 13 : Programme des Journées Techniques Aquacoles du SYSAAF (7-8 décembre 2017, Rennes).....	137
Annexe 14 : Glossaire .....	140





## Introduction

Le SYSAAF (Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français) est une association de statut "Syndicat professionnel" (Loi du 21 Mars 1884) qui regroupe des entreprises et associations, développant des programmes d'amélioration génétique à des fins commerciales et/ou de gestion génétique de populations ou lignées d'espèces avicoles et aquacoles. A l'instar des instituts techniques pour les espèces de mammifères domestiques, le SYSAAF est aujourd'hui en charge de l'action élémentaire 3 "Gestion du patrimoine zoogénétique et de la biodiversité d'espèces avicoles et aquacoles" qui s'inscrit dans le Programme Génétique Animale, du Programme National de Développement Agricole et Rural (PNDAR - "Programme pluriannuel du Progrès Génétique Animal CASDAR-775 [2014-2020]"). Ce programme de gestion des ressources génétiques concerne les populations *in situ* (gestion des cheptels en races ou lignées pures) et *ex situ* (Cryopréservation - GIS Cryobanque Nationale & CryoAqua). Pour exercer cette mission, le SYSAAF bénéficie d'une délégation de mission de la part de l'ITAVI (Institut Technique de l'Aviculture), autorisée par le Ministère en Charge de l'Agriculture, suite à un avis favorable de la Commission d'Amélioration Génétique Animale (CNAG).

Au quotidien, le SYSAAF, par une approche collective, originale et unique au monde, en mutualisant des compétences, des méthodes et des outils, apporte un appui technique à plus de 35 acteurs, majoritairement des PME et TPE, qui mettent en œuvre des programmes de gestion et/ou d'amélioration génétique rigoureux et optimisés à des fins commerciales et/ou de gestion génétique s'appliquant à plus d'une 100<sup>aine</sup> de populations, lignées ou races pures, d'une 20<sup>aine</sup> d'espèces, des filières avicoles (9) ou aquacoles (15). Cette diversité génétique, en termes d'espèces et de populations, répond à la demande de multiples marchés (niches, nationaux et exports pour des produits conventionnels ou festifs sous signes de qualité [IGP, Label Rouge, AOC, Productions biologiques]). Elle correspond à des productions commercialisables variées (œufs de consommation et à incuber, poussins, alevins, naissains, viandes, poissons, gibiers, coquillages, produits de découpe et transformés (fumés, salés), productions emblématiques comme le foie-gras, l'huître et le caviar). Ces productions génèrent directement ou indirectement une activité économique conséquente représentant souvent l'intégralité du marché français et des volumes conséquents à l'export, soit globalement plus de 20% du chiffre d'affaire des filières animales en France. Les filières avicoles et aquacoles représentent par ailleurs environ 70% du solde excédentaire de la balance commerciale de la génétique française. Ces productions occupent également une place importante pour le maintien d'activités agricoles de type polyculture-élevage et aquacoles au sein des territoires ruraux et littoraux, puisque, outre l'ensemble des activités conchylicoles, de même qu'une majorité des installations piscicoles, environ 1/3 des exploitations avicoles françaises recensées se trouvent en dans des zones à handicap naturel.

Par ailleurs, le SYSAAF, dans un rôle d'interface entre la recherche et les acteurs du terrain, initie et contribue au montage et à la réalisation de programmes de recherche et développement dans les domaines de la reproduction et de la sélection génétique, contribuant à la mise en œuvre de technologies et méthodes innovantes dans ce secteur.

### **Les principaux domaines d'activité du SYSAAF se déclinent dans le cadre de 4 grandes missions :**

- 1 - Assurer un appui technique à la mise en œuvre de programmes de gestion génétique, aux acteurs qui le souhaitent. Celui-ci inclut la mise en place de dispositifs de sélection pedigree, l'évaluation génétique des reproducteurs candidats à la sélection, puis leur choix et l'établissement des plans d'accouplement.
- 2 - Améliorer les méthodes de sélection, de diffusion et de sécurisation du patrimoine génétique chez les espèces aquacoles et avicoles en :



- réalisant des travaux de recherche et développement finalisés, en partenariat, avec les chercheurs des organismes de recherches compétents, dont l'INRA, l'Ifremer et l'Anses, de partenaires de la R&D et les adhérents du SYSAAF,
- développant un savoir-faire technique et méthodologique mutualisé,
- transférant ces savoir-faire et les innovations issues de la recherche auprès des entreprises adhérentes et en soumettant aux scientifiques concernés les problématiques issues du terrain.

3 - Assurer l'accès à des services dédiés permettant d'optimiser les démarches de nos adhérents comme (1) des prestations spécifiques, (2) un service d'audit et de certification de leurs processus et outils de sélection, (3) des formations, ou encore des informations issues de la bibliographie ou de congrès. Le SYSAAF développe également des partenariats pour leur mettre à disposition des services de prestations spécialisées auprès de plateformes externalisées, tel que la cryoconservation de leurs ressources génétique (CryoAqua, Cryobanque nationale avicole), le séquençage, le génotypage et l'assignation de parenté par empreintes génétiques, le stockage d'échantillons biologiques, ou la réalisation de challenges pathologiques maîtrisés en milieux confinés (Fortior-Genetics).

4 - Représenter et défendre les intérêts du SYSAAF, de nos adhérents et des filières aquacoles et avicoles, auprès de nos interlocuteurs.

Ce rapport d'activité s'adresse en premier lieu aux adhérents et partenaires du SYSAAF. Il vise à faire un point d'étape sur les activités du SYSAAF, en restituant les faits marquants de l'année 2017. Les nombreux programmes de recherche et développement en cours de réalisation qui ont pour la plupart été intégrés à la demande de crédit impôt recherche présentée pour la 1<sup>ère</sup> fois en 2017, sont présentés en détails dans le chapitre 3 et font l'objet de fiches synthétiques (Annexe 3). Ce rapport inclut d'autres annexes (Annexes 1 à 14) détaillées, en particulier une liste actualisée des adhérents du SYSAAF (Annexes 1 & 2) et une liste des publications-communications réalisées en 2017 (Annexe 4). Plus complet que la synthèse du rapport d'activité qui est présentée lors de notre Assemblée Générale annuel, il en constitue de fait le complément du procès-verbal et apporte par ailleurs un éclairage sur les perspectives d'évolutions, tant organisationnelles que fonctionnelles.



## I - Contexte national dans lequel s'inscrit l'action du SYSAAF

### *"Gestion optimisée du Patrimoine Zoogénétique d'Espèces Avicoles et Aquacoles"*

L'association syndicale, créée en 1952 sous le nom de SNAA (Syndicat National des Aviculteurs Agréés) à l'initiative du Ministère en charge de l'Agriculture, a initialement assumé des fonctions généralistes au profit des accoueurs de la filière. Le SNAA a rapidement fédéré une soixantaine d'acteurs avec comme objet de contribuer à la structuration de la filière avicole. La mise en œuvre des concepts et méthodes de sélection génétique a conduit certains acteurs à spécialiser leur activité ; dès lors le SNAA devint le SYSAF (Syndicat des Sélectionneurs Avicoles Français), puis le SYSAAF (Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français) en 1991 (Stevens, 1996), à l'initiative conjointe de l'INRA et du Ministère en charge de l'Agriculture. Initialement limités à la filière truiticole, le secteur aquacole regroupe aujourd'hui des entreprises de sélection d'autres espèces piscicoles d'eau douce et marines, mais également conchylicoles et crevetticoles, ainsi que des acteurs de la restauration écologique et du repeuplement.

Aujourd'hui, le SYSAAF apporte un appui technique auprès d'une 40<sup>aine</sup> de structures mettant en œuvre des programmes de sélection et gestion génétique des filières avicoles et aquacoles. Cette activité s'inscrit dans le contexte de la nouvelle loi sur les animaux d'élevage de 2006 et est exercée dans le cadre d'une délégation de responsabilités de la part de l'Institut Technique de l'Aviculture (ITAVI), autorisé par les services du Ministère de l'Agriculture [DGPE - Direction Générale de la Performance Économique et Environnementale des Entreprises - Bureau du Lait, des Produits Laitiers et de la Sélection Animale], sur avis favorable de la CNAG (Commission Nationale d'Amélioration Génétique) (Arrêté du 31 juillet 2007). C'est dans ce cadre contractuel que le SYSAAF est impliqué, au travers de l'action élémentaire 3 "Gestion optimisée du Patrimoine Zoogénétique d'Espèces Avicoles et Aquacoles", dans la mise en œuvre de la politique nationale de gestion des ressources génétiques qui s'inscrit dans le "Programme pluriannuel du Progrès Génétique Animal CASDAR 2014-2020" du programme 775. Celui-ci est défini en cohérence avec les objectifs du Programme national de développement agricole et rural (PNDAR) et partiellement financé par le Compte d'Affectation Spéciale Développement Agricole et Rural (CASDAR). Venant à échéance au 31 décembre 2017, cette délégation d'activité a été prorogée pour une période de 5 ans à compter du 1<sup>er</sup> janvier 2018 (2018-2023), sur avis favorable de la CNAG du 23 Mai 2017. Elle concerne une liste d'opérations (Tableau 1) correspondant aux finalités en matière d'amélioration et de gestion des ressources zoogénétiques se rattachant à l'action élémentaire faisant l'objet du présent programme. Les ressources zoogénétiques concernées font l'objet d'une liste positive de 37 espèces (Tableau 2) dont 19 nouvelles espèces piscicoles ayant fait l'objet d'une demande d'extension validée lors de la CNAG du 23 Mai 2017. Cette demande d'extension de la liste des espèces a permis de porter à la connaissance du Ministère en charge des espèces aquacoles, les espèces pour lesquelles des populations faisaient l'objet de programmes de domestication et de sélection en France. Cette démarche a permis d'anticiper les implications potentielles de la loi sur la biodiversité, ainsi de la mise en place de l'APA (Accès aux Ressources Génétiques et Partages des Avantages) au niveau Européen et de sa déclinaison au niveau national, pour les espèces qui n'ont pas le statut d'espèces ou variétés d'espèces domestiques. De fait, aucune des espèces aquacoles pour lesquelles le SYSAAF apporte actuellement un appui technique ne figure sur la liste des espèces domestiques. Celles-ci pourraient donc être considérées comme sauvages. Le SYSAAF a eu de nombreux échanges avec la DGPE (MAA) et la DPMA (MEDDE, puis MAA) et a minima la notion de populations domestiques d'espèces sauvages devraient être retenue pour les espèces figurant sur cette liste.

En aviculture chair, malgré un relatif dynamisme de la consommation, le contexte français est caractérisé par des difficultés structurelles et un important recul des volumes produits, depuis la fin des années 1990. Les crises liées à l'influenza aviaire ont par ailleurs durement affecté les activités des filières palmipèdes, mais au-delà ce sont tous les maillons des activités de sélection-multiplication





qui ont été confrontés à des fermetures de frontières à l'export. De fait, la France n'est plus le 1<sup>er</sup> producteur Européen de volailles depuis 2015, supplantée en particulier par la Pologne en Europe. Une étude réalisée dans le cadre du GIS Elevage-Demain publiée en 2015 indiquait que les filières avicoles généraient globalement environ 40.000 emplois directs et 70.000 indirects, soit l'équivalent de 110.000 ETP, représentant plus de 15% des emplois liés à l'élevage en France. Au-delà de ce panorama global, les productions avicoles françaises recouvrent de nombreuses spécificités, avec une diversité des espèces mises en œuvre unique au monde (Gallus chair et ponte, dinde, canard de barbarie, canard pékin, canard mulard, oie à rôtir et à foie-gras, pintade, caille, pigeon, faisan, perdrix rouge et grise), des spécificités dans l'utilisation de certaines espèces (canard de barbarie et canard mulard, pintade, caille, gibiers) ou génotypes (Dinde médium, Reproductrices Gallus chair nanifiés ou à croissance lente, Pondeuses à œufs roux, races locales pour plusieurs espèces), associées à une diversité des modes de production utilisés (Conventionnels, avec ou sans accès à un parcours, ateliers de gavage, lâchés de gibiers) et des produits issus (poulets labels, chapons, poulardes, foie-gras, magret, gibiers).

Outre ces productions destinées à la consommation, les espèces avicoles contribuent également pour plus de 60% à l'excédent de la balance des échanges commerciaux de la génétique animale en France (120/210 millions d'€ en 2012). De fait, toutes espèces confondues, la production française d'œufs à couver (OAC) et de poussins d'un jour s'élève à environ 1,5 milliard et 1,0 milliard, avec des exportations qui représentent plus de 10% de ces productions, avec des variations importantes, tant en volume, qu'en pourcentage, suivant les espèces. Les  $\frac{3}{4}$  de cette production concernent les poussins Gallus chair. On retrouve ensuite les canards (maigre et gras) et la dinde qui représentent chacun entre 8 et 9% de la production. Enfin, outre les espèces de gibier et la caille (environ 45 millions de cailleteaux), la poule pondeuse (50 millions de poussins) et la pintade (Environ 28 millions de pintadeaux, contre 51 en 2000) représentent chacune moins de 5%.

Les filières aquacoles représentent environ 3800 entreprises (contre 4500 en 2007 employant directement de l'ordre de 10000 équivalents ETP (contre 12000 en 2007)). La pisciculture connaît aussi une lente diminution de production (51 000 T en 2004 vs 42 000 T en 2014, données FEAP, 2015). Cette diminution résulte pour l'essentiel de fermetures de sites d'élevages de truite et de poissons marins pour mises aux normes environnementales, couplé à l'absence de création de nouveaux sites. Autosuffisante pour la production d'huitre, la France importe toutefois plus de 90% des produits aquatiques consommés. Paradoxalement, les producteurs français bénéficient d'un approvisionnement en œufs et en alevins de qualité avec respectivement de l'ordre 300 millions d'œufs de truite arc-en-ciel, d'une centaine de millions d'alevins de bar et de daurade, et 1 million d'alevins de turbot et de maigre. La réputation de ces productions a permis de maintenir une production nationale et de diversifier certaines productions, comme celle de grandes truites destinées à la découpe et au fumage, ou encore de consolider la mise en place de productions Label Rouge (truite fumée, turbot). Cette qualité permet aussi aux opérateurs aquacoles français d'exporter plus de 60% de leur production d'œufs et d'alevins vers des pays européens et hors de l'Union Européenne, représentant de l'ordre d'un tiers du chiffre d'affaire de la filière piscicole nationale. Ces exportations représentent environ 40 millions d'euros d'excédents dans la balance des échanges commerciaux, en compléments des 120 millions d'euros d'excédents du secteur avicole.

Les dynamiques d'évolution contrastées observées entre les secteurs production et sélection-multiplication, tant pour les filières avicoles, qu'aquacoles, sont à mettre en lien avec les niveaux de technicité des acteurs. Par l'appui technique qu'il apporte, le SYSAAF contribue à l'excellence du niveau technique des entreprises de sélection. Les productions avicoles et aquacoles s'inscrivent dans le contexte global de libéralisation des échanges internationaux, d'une diminution de la part du budget consacrée à l'alimentation, d'attentes croissantes en matière de bien-être, de traçabilité et de qualité des produits et plus globalement de durabilité des filières animales. L'objectif stratégique du programme 775 pour la programmation 2014-2020 est d'ailleurs d'"Orienter les structures



chargées du conseil aux agriculteurs vers le développement et la diffusion de systèmes de production innovants et performants à la fois du point de vue économique, environnemental et sanitaire, soit plus globalement vers l'agroécologie".

Dans ce contexte, le processus d'amélioration continue des méthodes et outils mis en œuvre par le SYSAAF dans le cadre de son appui technique auprès des sélectionneurs tout en amont des filières, est crucial pour que les éleveurs français puissent continuer à bénéficier des possibilités d'approvisionnements adaptés en œufs à couvrir, poussins, alevins, larves ou naissains répondant à leurs besoins.

**Tableau 1** : Liste des opérations en matière d'amélioration et de gestion des ressources zoogénétiques faisant l'objet de la délégation par l'ITAVI auprès du SYSAAF.

- Appui technique à la mise en œuvre de programmes de sélection spécifiques : *Etude de faisabilité, conseils techniques pour l'aménagement d'un site d'élevage dédié et les effectifs à mettre en place, en conformité avec les référentiels SYSAAF, ainsi que sur les ressources humaines nécessaire.*
- Méthodes d'identification des animaux, d'établissement ou de reconstitution des filiations, d'acquisition et de validation des données de contrôle de performances : *conception, supervision et appui aux entreprises de sélection.*
- Développement et mise à disposition d'applicatifs informatiques de saisie, de contrôle, d'archivage et de transfert des données de filiation et de contrôle de performances : *conception, supervision et appui (assistance de 1<sup>er</sup> niveau) aux entreprises de sélection.*
- Validation (2<sup>ème</sup> niveau) et archivage (historique) des données de filiation et de performances, estimation de la valeur génétique des animaux candidats, affectation de candidats à la sélection, proposition de plans d'accouplement : *conception, réalisation et appui (cas d'externalisation du traitement) aux entreprises de sélection.*
- Gestion et conservation de la variabilité génétique dans les populations et espèces concernées : *conception et réalisation (Programmes de R&D ou actions incitatives).*
- Développement de méthodes de gestion de la reproduction et de sélection dites innovantes (incluant les applications liées à la mise en œuvre des outils génomiques) et transfert aux entreprises de sélection : *conception (Programmes de R&D), réalisation et appui au transfert au profit des entreprises de sélection.*
- Cryoconservation de cellules reproductrices et de tissus biologiques des espèces concernées (gamètes, larves, échantillons biologiques) : *conception (Programmes de R&D), réalisation, appui aux entreprises de sélection.*
- Systèmes de management de la qualité pour les aspects génétique et sanitaire des cheptels (référentiels, plans de contrôle, audits) du dispositif génétique, propres à chaque filière concernée : *conception, réalisation.*



**Tableau 2** : Liste actualisée au 1<sup>er</sup> Janvier 2018 des espèces pour lesquelles le SYSAAF bénéficie de la délégation pour des actions en matière d'amélioration et de gestion des ressources zoogénétiques validée en CNAG <sup>1</sup>.

Espèces	Dénomination usuelle	Nom scientifique	Délégation
<b>Avicoles</b>	Poule	<i>Gallus domesticus</i>	Délégation initiale Arrêté du 31 juillet 2007, Article 4  CNAG du 4 octobre 2007
	Pintade	<i>Numida meleagris</i>	
	Dinde	<i>Meleagris gallopavo</i>	
	Caille	<i>Coturnix japonica</i>	
	Canard commun	<i>Anas platyrhynchos</i>	
	Canard de barbarie	<i>Cairina moschata</i>	
	Oie	<i>Anser anser</i>	
	Faisan	<i>Phasianus colchicus</i>	
	Perdrix rouge	<i>Alectoris rufa</i>	
	Perdrix grise	<i>Perdrix perdrix</i>	
	Pigeon	<i>Columba livia</i>	
<b>Piscicoles dulçaquicoles</b>	Truite arc-en-ciel	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	
	Truite commune (ou fario)	<i>Salmo trutta</i>	
	Ombre de fontaine	<i>Salvenilus fontinalis</i>	
	Esturgeon sibérien	<i>Acipenser baeri</i>	
<b>Piscicoles marines</b>	Bar	<i>Dicentrarchus labrax</i>	Extension de Délégation CNAG du 4 octobre 2007
	Daurade	<i>Sparus aurata</i>	
	Turbot	<i>Scophthalmus maximus</i>	
	Maigre	<i>Argyrosomus regius</i>	
<b>Conchylicoles</b>	Huître creuse	<i>Crassostrea gigas</i>	Extension de Délégation CNAG du 7 avril 2010
<b>Piscicole Euryhaline</b>	Saumon Atlantique	<i>Salmo salar</i>	
<b>Piscicole marine</b>	Ombre ocellée	<i>Sciaenops ocellatus</i>	
<b>Conchylicoles</b>	Huître plate	<i>Ostrea edulis</i>	
<b>Piscicole dulçaquicoles</b>	Perche commune	<i>Perca fluviatilis</i>	Extension de Délégation CNAG du 17 novembre 2010
<b>Conchylicoles</b>	Palourde japonaise	<i>Ruditapes philipinarum</i>	Extension de Délégation CNAG du 2 Mai 2016
	Ormeau européen	<i>Haliotis tuberculata</i>	
<b>Crevetticoles</b>	Crevette bleue	<i>Litopenaeus stylirostris</i>	
	Crevette à pattes blanches	<i>Litopenaeus vannamei</i>	
<b>Piscicoles dulçaquicoles</b>	Carpe commune	<i>Cyprinus carpio</i>	Extension de Délégation CNAG du 13 Mai 2017
	Tilapia du Nil (tilapia gris)	<i>Oreochromis niloticus</i>	
	Tilapia du Mozambique	<i>Oreochromis mossambicus,</i>	
	Tilapia Wami	<i>Oreochromis urolepsis</i>	
	Tilapia bleu	<i>Oreochromis aureus</i>	

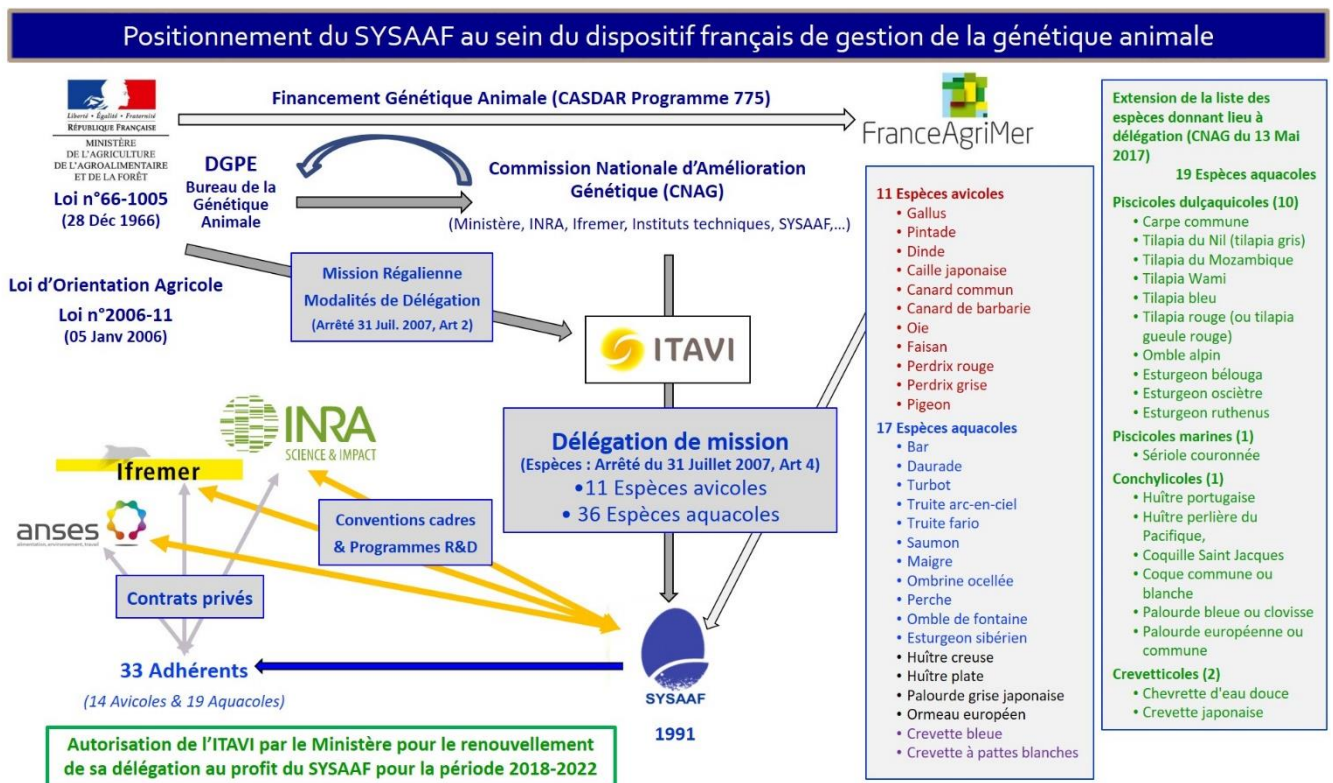
<sup>1</sup> En application de l'article 4 de l'arrêté du 31 juillet 2007, le Ministère en charge de l'Agriculture peut valider une demande d'extension au cours de la période concernée par cette délégation de la liste des espèces concernées, après consultation pour avis du comité consultatif pour les espèces porcines, les lapins, les volailles et les espèces élevées dans des exploitations aquacoles de la commission nationale d'amélioration génétique (CNAG).





	Tilapia rouge (ou tilapia gueule rouge)	Hybride fertile de 4 espèces ( <i>O. niloticus</i> , <i>mossambicus</i> , <i>honorum</i> & <i>O. aureus</i> )	
	Omble alpin	<i>Salvelinus alpinus</i>	
	Esturgeon bélouga	<i>Huso huso</i>	
	Esturgeon osciètre	<i>Acipenser guldenstatii</i>	
	Esturgeon ruthenus	<i>Acipenser ruthenus</i>	
<b>Piscicoles marines</b>	Sériole couronnée	<i>Seriola dumerili</i>	Extension de Délégation CNAG du 13 Mai 2017
<b>Conchylicoles</b>	Huître portugaise	<i>Crassostrea angulata</i>	Extension de Délégation CNAG du 13 Mai 2017
	Huître perlière du Pacifique,	<i>Pinctada margaritifera</i>	
	Coquille Saint Jacques	<i>Pecten maximus</i>	
	Coque commune ou blanche	<i>Cerastoderma edule</i>	
	Palourde bleue ou clovisse	<i>Venerupis corrugata</i>	
	Palourde européenne ou commune	<i>Venerupis decussata</i>	
<b>Crevetticoles</b>	Chevrette d'eau douce	<i>Macrobrachium rosenberaii</i>	Extension de Délégation CNAG du 13 Mai 2017
	Crevette japonaise	<i>Penaeus japonicus</i>	

Figure 1 : Organisation du dispositif français d'amélioration génétique des espèces avicoles et aquacoles



## II - Organisation fonctionnelle du SYSAAF

### 2-1 Gouvernance

La gouvernance du SYSAAF est exercée par un conseil d'administration composé de 13 membres, avec 6 représentants pour le secteur aquacole et 7 pour le secteur avicole. Les administrateurs sont élus à la majorité par l'ensemble des représentants des adhérents, indépendamment du secteur. Le mandat des administrateurs est de 3 ans et environ un tiers est renouvelable chaque année. Ceux-ci élisent un bureau composé de 5 administrateurs (1 Président, 2 vice-présidents, 1 trésorier, 1 secrétaire & trésorier-adjoint). Les mandats électifs des administrateurs qui en sont membres n'étant pas synchrones en termes d'échéance, la composition du bureau est révisable annuellement à l'issue du renouvellement partiel du conseil d'administration. Il n'y a pas de règle établie quant à la répartition des postes au sein du bureau entre les deux secteurs, sauf pour les deux postes de vice-présidents pour lesquels chaque secteur a un représentant. Il est toutefois admis qu'il est souhaitable d'avoir une représentation de 2/5 et 3/5, sans a priori quant au secteur le mieux représenté.

Cinq mandats d'administrateurs étaient à échéance en 2017 ; ceux de Ms. G. Fleurent (Novostrea) et E. Mazeiraud (Les Sources de l'Avance) pour le secteur aquacole et ceux de Ms T. de Bretagne (Suppléant de Y. Jégo - Hubbard), Karim Kaoukeb Raji (Caillor) et L. Salles (SASSO) pour le secteur avicole. Cinq postes étaient donc à pourvoir. Ms. E. Mazeiraud (Les Sources de l'Avance) et B. du Mesnildot (SATMAR) ont transmis leur candidature pour le secteur aquacole et Mme F. Petitjean (Centre de Sélection de Béchanne) et Ms. T. de Bretagne (Hubbard) et L. Salles (SASSO) pour le secteur avicole.

Suite à cette élection de renouvellement partiel la composition du conseil d'administration, la composition du CA était la suivante pour la période d'un an, allant de juin 2016 à juin 2017 :

- Pour le secteur aquacole : Ms. Jean-Sébastien Bruant (Ferme Marine du Douhet), Frédéric Cachelou (Vivier de Sarrance), Emmanuel Mazeiraud (Aqualande) Bertrand du Mesnildot (SATMAR), Vincent Murgat (Pisciculture Murgat) et Bruno Peyrou (Groupe Ichthus : Ecloserie Marine de Gravelines).
- Pour le secteur avicole : Mmes Magali Blanchet (Grimaud Frères Sélection) et Florence Petitjean (Centre de Sélection de Béchanne) et Ms. Bernard Alletru (Gourmaud Sélection - Orvia), Thomas de Bretagne (Hubbard), Denis Bourasseau (Gibovendée-Gen'Ethics), Julien Fablet (ISA-Hendrix) et Laurent Salles (SASSO).

A l'issu de l'AG, M. E. Mazeiraud a été reconduit à la présidence du SYSAAF ; celui-ci indiquant toutefois indiqué son souhait de quitter son poste en 2018 (cf. Figure 3). La composition renouvelée du bureau pour l'exercice 2017-2018 est la suivante :

- Président : Emmanuel Mazeiraud (Groupe Aqualande - Secteur aquacole),
- Vice-Président Secteur Avicole : Bernard Alletru (Gourmaud – Groupe Orvia – S. avicole)
- Vice-Président Secteur Aquacole : Vincent Murgat (Pisciculture Murgat – S. aquacole),
- Trésorier : Laurent Salles (SASSO – Secteur avicole),
- Secrétaire & Trésorier adjoint : Magali Blanchet (Grimaud Frères Sélection - Secteur avicole).

Au 3<sup>ème</sup> trimestre, Thomas de Bretagne ayant quitté la société Hubbard, il a été successivement suppléé par Olivier Rochard, puis Frédéric Fagnoul, tous deux de la société Hubbard.

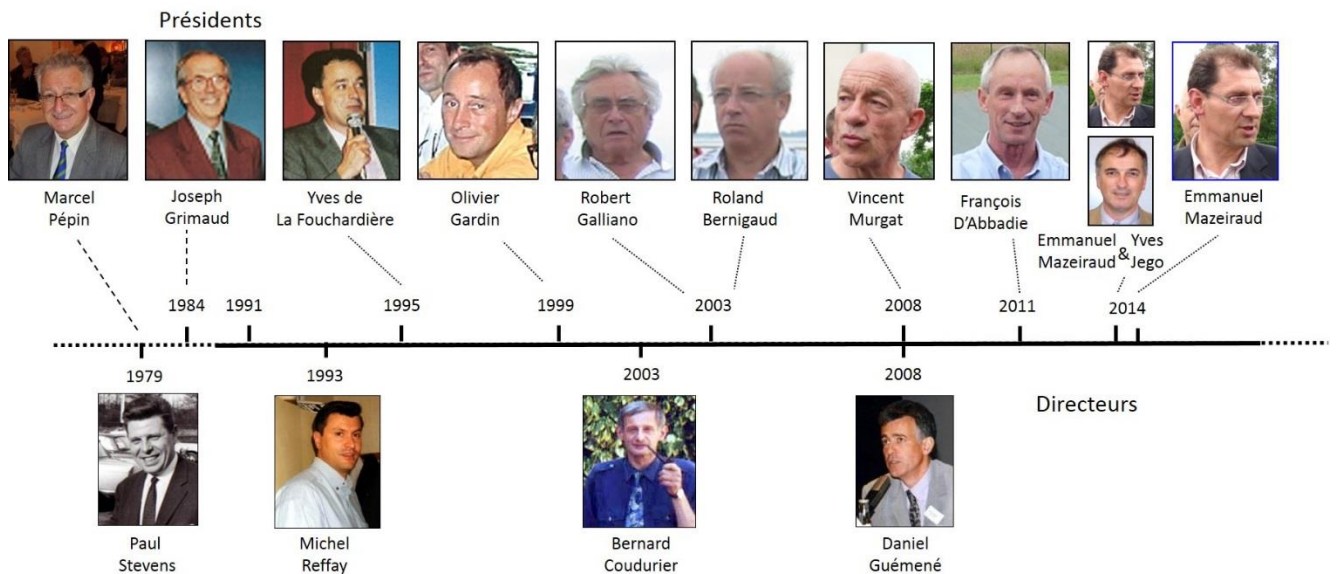
Cinq Conseils d'Administration et 2 réunions du Bureau ont été organisés en 2017. Les CA ont eu lieu les 7 Fév., 26 avril (CA Téléphonique), 31 mai, 13 juillet (CA Téléphonique) et 18 octobre et ont fait l'objet de comptes-rendus disponibles sur demande pour les adhérents. Par ailleurs, des réunions du Bureau ou du Comité de Direction du SYSAAF, n'ayant pas vocation à donner lieu à des CR ou RD, ont également eu lieu.



Figure 2 : Membres et composition du bureau du Conseil d'Administration du SYSAAF (2017)



Figure 3 : Présidents et directeurs du SYSAF et du SYSAAF depuis 1979



## 2-2 Assemblée Générale Annuelle

L'Assemblée Générale annuelle, ou comment faire d'une obligation statutaire, un moment de convivialité unique entre les adhérents de deux secteurs d'activités bien différenciés, les collaborateurs, ainsi que certains représentants de nos partenaires. En 2017, ce temps fort de la vie de notre structure a été organisé au siège de la CAFEL à Coulans sur Gée, accueillie par Yves de la Fouchardière, son directeur (Coopérative agricole des fermiers et éleveurs de Loué) (Programme : Cf. Annexe 12).

20 adhérents étaient présents (9 adhérents aquacoles et 11 avicoles) et 6 représentés (5 adhérents aquacoles et 1 avicole avaient donné un pouvoir), ce sont donc 24 adhérents qui étaient représentés à l'Assemblée Générale sur 34 adhérents qui, étant à jour de leur cotisation pouvaient statutairement participer à l'AG.





AG du SYSAAF 2017



Yves de La Fouchardière

Des orateurs passionnés et passionnants...



Maryse Boulay



Yoannah François



Katixa Larre



Romain Morvezen



Une assistance nombreuse et attentive...





AG SYSAAF 2017 : Visite de Le Mans











AG SYSAAF 2017 :  
Visite de l'usine  
d'aliment "ALIFEL"





Les rapports d'activité et financiers, dont la présentation relève des aspects statutaires incontournables d'une Assemblée Générale, n'ont suscité aucune objection et ont été adoptés à l'unanimité ; au même titre que le rapport du commissaire aux comptes, présenté par M. Gérard Bréal (KPMG).

Cette AG fut par ailleurs l'occasion pour le SYSAAF de saluer la carrière de Mme Maryse Boulay ; puis de présenter les nouvelles recrues aux adhérents.

La veille de cette AG, Yves de la Fouchardière fut un guide remarquable tant pour nous faire découvrir différentes facettes de la CAFEL, que pour nous guider dans les rues du vieux Le Mans et nous en compter l'histoire. Concernant la CAFEL, les adhérents du SYSAAF ont pu découvrir l'usine de fabrication d'aliments ALIFEL, ainsi qu'un site d'élevage des volailles de Loué localisé à Vallon-sur-Gée (72), où ils ont été respectivement accueillis par Hervé Sohier (Directeur) et Gaétane. Le site d'élevage comprend trois poulaillers et deux hectares de parcours. ALIFEL est la troisième plus grande usine de fabrication d'aliments de volailles en France. L'usine emploie 19 salariés (quatre équipes de deux pour le suivi de fabrication) et permet de produire 1 500 tonnes d'aliment thermisé par jour (350 000 tonnes/an) avec un pic à 1 800 tonnes en fin d'année. Environ 85% de cette production est destinée à l'approvisionnement des éleveurs de la CAFEL. 12 camions organisés en 2 x 8 heures, livrent leur chargement dans un rayon de 50kms chez les 1040 éleveurs.

## 2-3 Ressources humaines

### 2-3-1 Des effectifs croissants et des compétences renouvelées :

Au 1<sup>er</sup> janvier 2017, le SYSAAF comptait 14 salariés dont 2 en CDD, auxquels il faut adjoindre son directeur mis gracieusement à disposition par l'INRA. Au cours du 1<sup>er</sup> semestre 2017, Mmes Katixa Larre et Yoannah François, ainsi que Ms Romain Morvezen et Jonathan d'Ambrosio (Thèse-Contrat CIFRE), soit 3 CDI et un CDD, venait grossir les effectifs.

**Figure 4a** : Organigramme hiérarchique et fonctionnelle et ressources humaines du SYSAAF (31 Mai 2017)

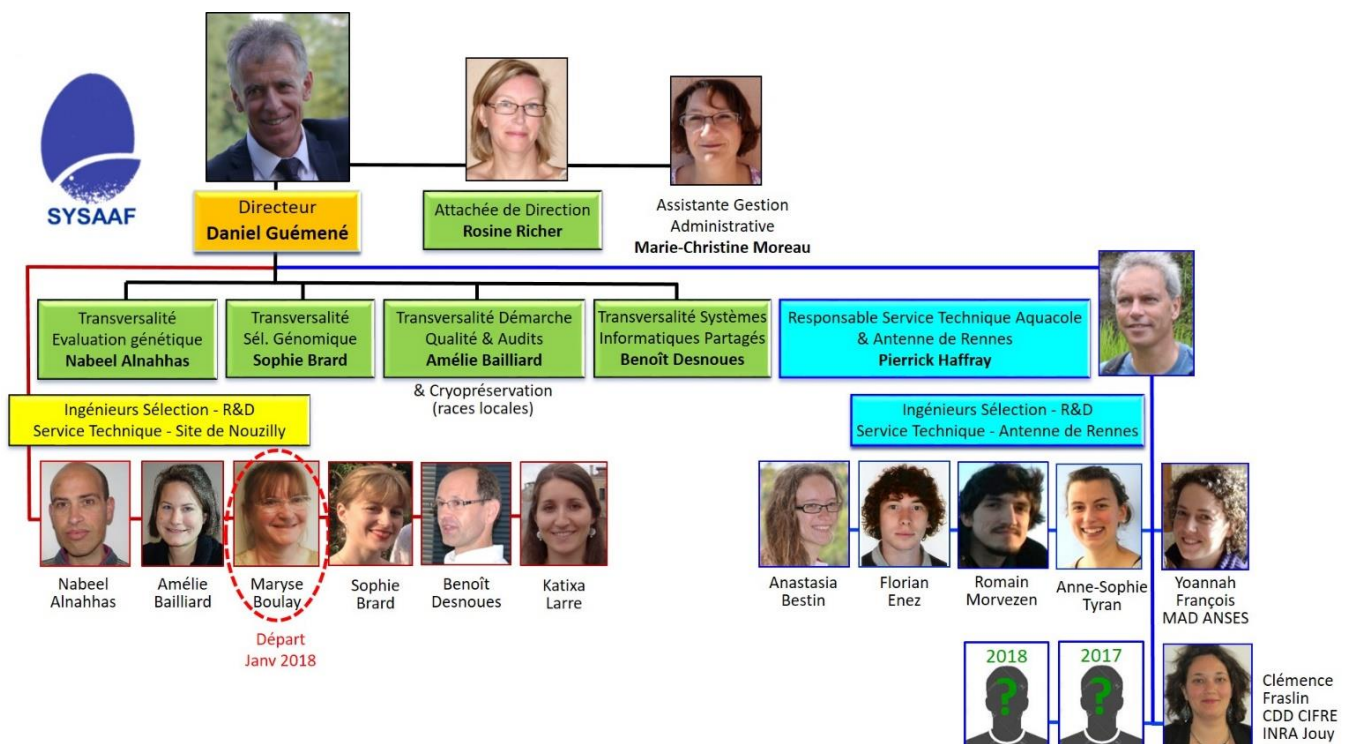
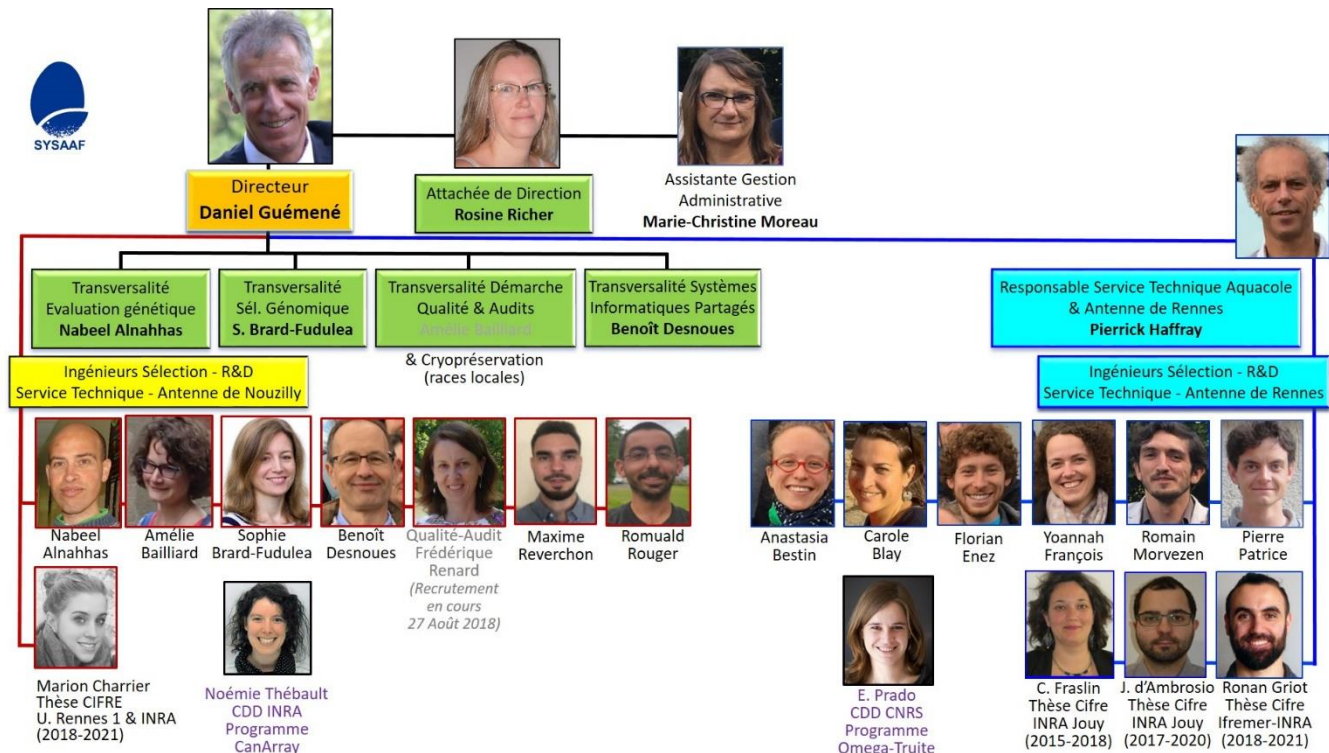


Figure 4b : Organigramme hiérarchique et fonctionnelle et ressources humaines du SYSAAF (2018)



Mme Katixa Larre a rejoint le site du SYSAAF de Nouzilly en Février 2017, en tant que généticienne quantitative pour anticiper le départ en retraite de Mme Maryse Boulay. Mme Yoannah François qui a antérieurement travaillé en CDD au sein du SYSAAF pour réaliser un travail de modélisation de la sélection génomique des espèces avicoles a pris en charge la Plateforme Fortior-Genetics, sur le site de Plouzané, dans le cadre d'une mise à disposition auprès de l'Anses, en mars 2017. Parallèlement, en raison d'une augmentation importante d'activités à venir, notamment dans le cadre de programmes de recherche et pour la mise en place de la génomique chez les espèces aquacole, M. Romain Morvezen a rejoint le site du SYSAAF de Rennes en Avril 2017, en tant que génomicien. M. Jonathan d'Ambrosio recruté début juillet en contrat CIFRE pour réaliser une thèse relative à la mise en œuvre de la sélection génomique chez la truite, a quant à lui rejoint l'unité GABI de l'INRA sur le Centre de Jouy-en-Josas.

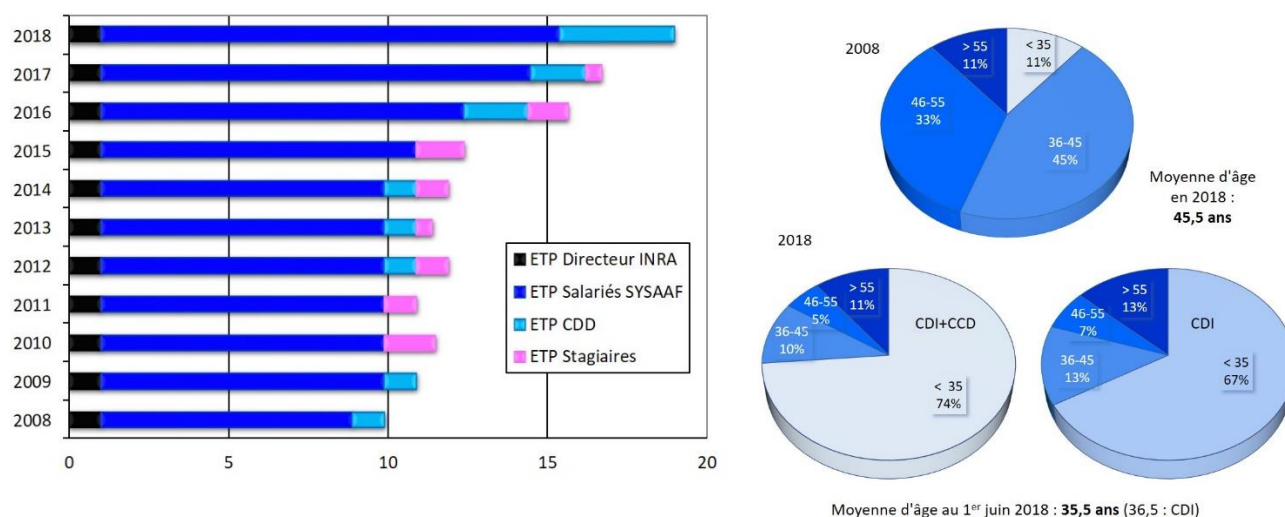
Suite au départ de M. François Seigneurin en avril, ses activités expérimentales, réalisées dans le cadre contractuel d'une prestation au profit de l'INRA pour le programme CRB-Anim, furent prises en charge par Mme Amélie Bailliard. Parallèlement, afin de respecter nos engagements, le SYSAAF a aussi recruté Mme Aurore Thélie en novembre 2016, en CDD pour 4 mois. La réaffectation des missions de M. François Seigneurin et/ou de Mme Amélie Bailliard, constituait donc une des priorités du second semestre 2017, afin de gérer à court terme tout à la fois les engagements du SYSAAF vis-à-vis de nos partenaires et les projets internes, notamment ceux relatifs à la démarche qualité.

Le renouvellement des compétences va se poursuivre en 2018, puisque des procédures de recrutement de 5 ingénieurs ont été lancées fin 2017-début 2018, afin d'anticiper les départs pour convenance personnelle de Mmes Katixa Larre, Anne-Sophie Tiriau et Amélie Bailliard. Ce sont également deux nouveaux CDD en thèse CIFRE qui vont rejoindre les rangs du SYSAAF au cours du 1<sup>er</sup> semestre 2018.



Les ressources humaines disponibles ont par ailleurs, comme par le passé, été complétées par un recours à de la main d'œuvre occasionnelle pour la réalisation de prestations pour les adhérents (0,25 ETP). Ce sont donc plus de 16,5 ETP qui ont globalement travaillé en synergie pour accompagner au quotidien les adhérents des filières avicoles et aquacoles dans leur métier, effectif d'un niveau sans précédent. Par ailleurs, deux ingénieurs ont été recrutés en 2017 et début 2018 par l'INRA (Mme Noémie Thibault) et le CNRS (Mme Enora Pardo) pour travailler exclusivement) dans le cadre de programmes de recherche coordonnés par le SYSAAF (CanArray & Omega-Truite). De nombreux chercheurs représentant un nombre encore plus important d'ETP, travaillent au quotidien au bénéfice des adhérents du SYSAAF dans le cadre de programmes de recherche.

**Figure 5 :** Evolution du nombre d'ETP et répartition des salariés par classe d'âge entre 2008 et 2018



Cette dynamique d'accroissement des effectifs en cours et de renouvellement des salariés a eu pour conséquence une forte évolution de la pyramide des âges avec un important rajeunissement de la moyenne d'âge des salariés.

### 2-3-2 Une organisation fonctionnelle avec une répartition sur plusieurs sites :

Les 19 salariés du SYSAAF sont majoritairement localisés sur deux sites. Le site historique de Nouzilly, sur le Centre INRA Val de Loire au sein de l'Unité de Recherches Avicoles (URA), où est basé son siège social. Le 2<sup>nd</sup> site d'implantation est localisé au sein du Laboratoire INRA de Physiologie et Génétique des Poissons (LPGP) du Centre INRA de Rennes, sur le campus de l'Université de Rennes I à Beaulieu.

L'effectif présent sur ce site constituant le cœur des forces vives du service technique aquacole, était de 5 salariés fin 2017, en l'occurrence par ordre d'ancienneté M. Pierrick Haffray, Mmes Anastasia Bestin et Anne-Sophie Tiriau, ainsi que Ms Florian Enez et Romain Morvezen, sachant que Mme Anne-Sophie Tiriau a quitté le service en le 23 janvier 2018. Ce service a également dû faire face à arrêt de travail prolongé de M. Florian Enez, victime d'un grave accident de la route en se rendant à son travail. Nous nous réjouissons qu'il ait pu reprendre son travail à temps plein et sans avoir de séquelle. Le service technique aquacole ne se résume pas à ces salariés. En effet, deux ingénieurs ont été affectés à ce service début janvier 2018, afin de pallier au départ de Mme Anne-Sophie Tiriau et d'anticiper l'augmentation importante d'activité qui va résulter de la mise en œuvre de la sélection génomique et de l'implication dans un nombre croissant de programmes expérimentaux pour ce service (Cf. ; Annexe 3). Par ailleurs, il faut également y adjoindre, outre les 5 responsables de transversalités basés quant à eux à Nouzilly pour une partie de leur temps, 3 salariés à temps complet (1 CDI et 2 CDD). Recruté en CDI, Mme Yoannah François est basé sur le site de l'ANSES de Plouzané, pour y prendre en charge la Plateforme Fortior-Genetic, depuis mars 2017. Recrutés en CDD dans le



cadre de contrat CIFRE pour réaliser une thèse ; Mme Clémence Fraslin et M. Jonathan d'Ambrosio sont tous deux hébergés dans l'unité GABI sur le site de INRA du Centre Jouy-en-Josas. Un 3<sup>ème</sup> CDD a également rejoint l'unité Ifremer de Palavas, pour y réaliser une thèse dans le cadre d'un contrat CIFRE.

Globalement ce sont donc 12 ETP (8 CDI et 3 CCD) qui travaille directement pour ce service technique aquacole début 2018, auxquels il faut adjoindre des contributions ponctuelles d'autres salariés et du directeur représentant environ 2,5 ETP. La responsabilité hiérarchique et fonctionnelle du personnel travaillant spécifiquement pour ce secteur aquacole est assurée par M. Pierrick Haffray, assisté sur le plan fonctionnel par Mme Anastasia Bestin. En terme fonctionnelle, un chef de projet et un suppléant sont identifiés pour chacun des adhérents et des projets de recherche et développement ; ceux-ci sont les interlocuteurs pré-identifiés avec lesquels les contacts doivent-être privilégiés.

La Direction et les Services Administratifs et Financiers (TAF) ainsi que les services techniques avicoles, et les responsables de transversalités, soient 9 personnes au 1<sup>er</sup> Janvier 2018, sont historiquement localisés sur le site de l'INRA de Nouzilly. Le fonctionnement des Services Administratifs et Financiers (TAF) repose essentiellement sur les compétences et l'engagement de Mmes Rosine Richer (Attachée de direction) et de Marie-Christine Moreau sont assistante qui travaille à temps complet depuis 2018. Ce service bénéficie en complément de l'implication au quotidien de M. Daniel Guémené, le directeur du SYSAAF mis à disposition par l'INRA, mais également de la participation indispensable de chacun des salariés, en particulier de celle de M. Pierrick Haffray, en tant que responsable de l'antenne de Rennes pour des activités concernant le secteur aquacole.

Fin 2017, six ingénieurs travaillant pour les services techniques du SYSAAF sous la responsabilité hiérarchique et fonctionnelle du directeur étaient hébergés sur ce site. Par ordre d'ancienneté, il s'agit de Mme Maryse Boulay (1979), M. Benoît Desnoues (1987), Mme Amélie Bailliard (2014), M. Nabeel Alnahhas (2015), Mme Sophie Brard-Fudulea (2015) et de Mme Katixa Larre (2017). Un 4<sup>ème</sup> CDD rattaché aux activités avicoles a été recruté en 2018 et rejoint l'Université de Rennes 1, pour y réaliser une thèse dans le cadre d'un contrat CIFRE. Au niveau fonctionnel, le service indexation pour les espèces avicoles est sous la responsabilité de M. Benoît Desnoues. Sauf exception, les adhérents du secteur avicole n'ont donc pas d'interlocuteur privilégié, mais un binôme d'interlocuteurs qui pourra être différent à chaque période de traitement. Ceux-ci sont par ailleurs mobilisés sur des programmes de R&D bénéficiant ou non de financements externes.

### **2-3-3 Une démarche managériale :**

Le départ de salariés engendre toujours des pertes de savoir-faire et d'expériences. Néanmoins, le renouvellement du personnel et l'augmentation du nombre de salariés apparaissent également comme autant d'opportunités pour élargir le spectre des compétences permettant de répondre aux nouveaux enjeux et besoins du SYSAAF et de ses adhérents. Dans ce contexte d'une importante évolution, associée à une dispersion géographique des salariés sur plusieurs sites, la définition précise de leurs missions et la mise en place d'une organisation spécifique pour bien intégrer ces salariés, sont impératives. Ainsi outre leur rattachement hiérarchique et fonctionnel avec l'un des 2 sites principaux, les salariés ont l'opportunité de participer à différentes réunions intersites. Parmi celles-ci, l'AG annuel, le séminaire annuel de lancement, les journées thématiques trimestrielles où les réunions de transversalités et de comité de pilotage divers, etc. qui sont organisées tout au long de l'année et réunissent l'ensemble des salariés du SYSAAF ou une partie d'entre-eux selon les thèmes abordés sont autant d'opportunités de rencontre.

Cette organisation contribue indéniablement à la création de liens forts et à dynamiser la structure, en particulier au travers des transversalités mises en place au sein du SYSAAF qui renforcent les interactions au quotidien et les synergies entre les sites de Nouzilly et Rennes.







Une équipe SYSAAF au top pour un séminaire de rentrée studieux et convivial (Vannes, Septembre 2017)



Outre l'AG annuelle à laquelle tous les salariés sont conviés, le séminaire de lancement annuel qui a été organisé les 28 et 29 septembre à Vannes en 2017, constitue un rendez-vous important et attendu. Il fut à nouveau l'occasion d'un intense brainstorming relatif à aux modalités d'interactions entre le SYSAAF et ses adhérents, avec analyse des droits et devoirs respectifs des salariés du SYSAAF et de ses adhérents. Cette réflexion s'intégrait dans une démarche collective plus globale impliquant également les adhérents, par l'entremise des administrateurs. A l'issue de cette réflexion qui s'est poursuivie au cours du 1<sup>er</sup> semestre 2018, les administrateurs ont souhaité qu'une charte de déontologie destinée aux salariés du SYSAAF et à ses adhérents soit adoptée et qu'un outil d'aide à la décision définissant les règles de communication soit élaborée, afin de maintenir un climat de confiance entre les adhérents et les salariés du SYSAAF. La démarche et les documents produits feront l'objet d'une présentation lors de l'AG 2018. Le fonctionnement des 5 transversalités mises en place au sein du SYSAAF a également été évalué lors de ce séminaire en se basant sur les résultats d'analyses SWOT. La discussion a permis d'apprécier le dynamisme global de ces transversalités et, dans un processus d'amélioration continu, d'identifier les causes de certains dysfonctionnements et des pistes pour en améliorer le fonctionnement. L'animation de ces transversalités est assurée par des binômes, constitué d'un responsable local et d'un référent sur le site distant.

Outre la transversalité administrative et financière (TAF) dont les modalités de fonctionnement différent, les 4 transversalités techniques fonctionnelles mises en place sont :

- Démarche Qualité (TDQ) : Responsable Amélie Bailliard qui va être remplacée par Frédérique Renard et référente Anne-Sophie Tiriau, suppléée par A. Bestin.
- Développements Génomiques (TDG) : Responsable Sophie Brard-Fudulea et référent Romain Morvezen,
- Evaluation Génétique (TEG) : Responsable Nabeel Alnahhas et référent Florian Enez,
- Systèmes Informatiques Partagés (TIF) : Responsable Benoît Desnoues et référent Florian Enez (Koala, serveurs) & Anne-Sophie Tiriau remplacée par Pierre Patrice (InfAqua).

Si ce séminaire fut un moment d'échanges riche de propositions pour faire évoluer le fonctionnement du SYSAAF, il fut aussi l'occasion de moments de détente, comme la résolution d'énigmes dans un escapegame en soirée, ainsi qu'une sortie en mer dans le Golfe du Morbihan ; moments partagés toujours très bénéfiques à la qualité des interactions sociales et la cohésion du groupe.

Plusieurs autres réunions réunissant l'ensemble des salariés du SYSAAF ou une partie d'entre-eux selon les thèmes ont été organisées au cours de l'année, en particulier dans le cadre des transversalités.









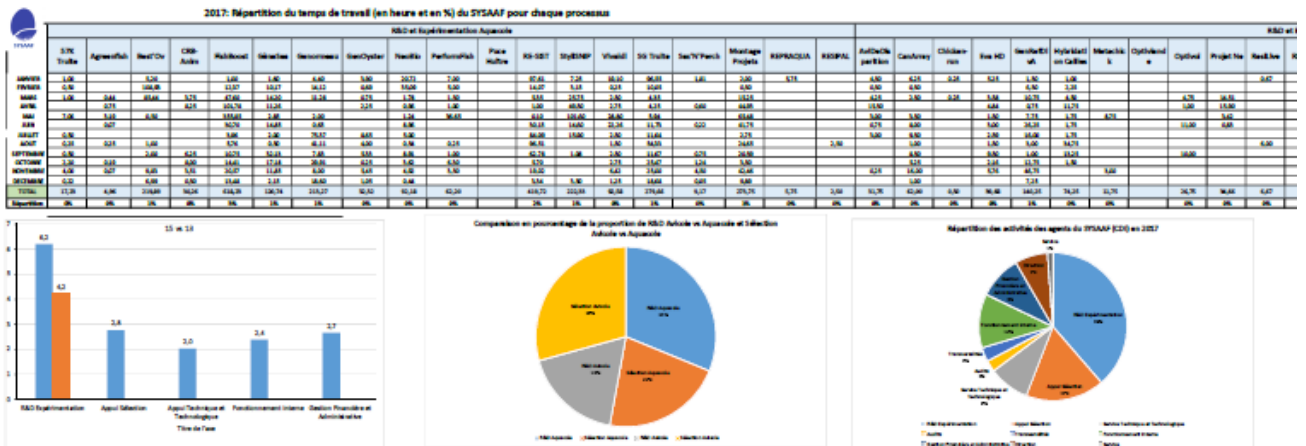
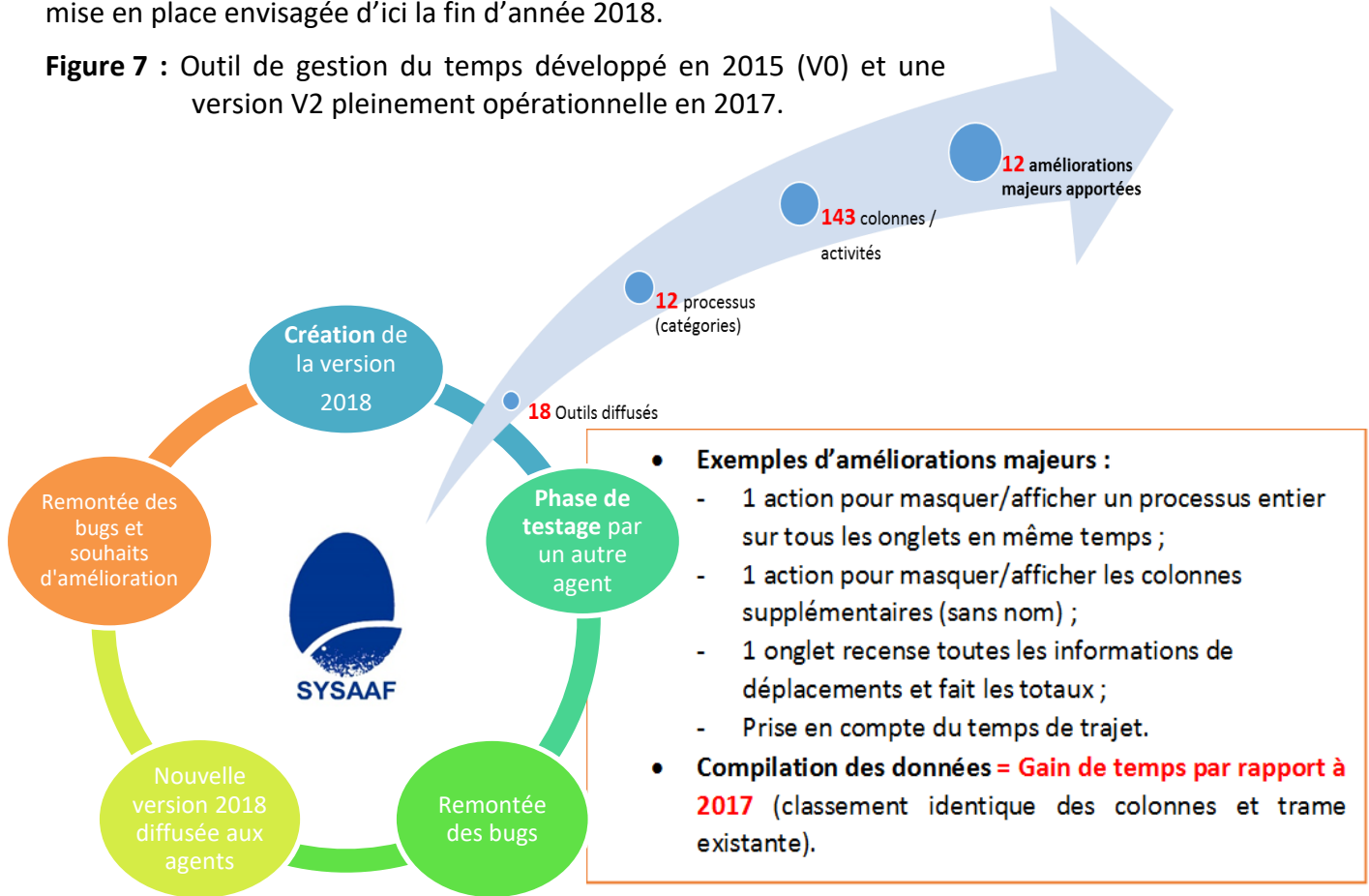




### 2-3-4 Une démarche qualité

Comme en 2016, le fonctionnement de la transversalité TDQ a été fortement affecté par l'obligation d'un redéploiement des missions de Mme Amélie Bailliard, avec poursuite de la prise en charge des activités des Biotechnologies de la Reproduction. Le volume de temps de travail qui a été consacré est néanmoins d'environ 40 jours ; temps L'un des objectifs de cette transversalité consistait en la mise en place d'un outil de Gestion Electronique des Documents (GED). La mise en place d'un tel outil, d'un intérêt indéniable à moyen et long terme, nécessitant toutefois un gros investissement de l'ensemble du personnel, ainsi que d'une personne dédiée à temps plein pendant 3 à 4 mois dans un premier temps, nous avons été contraint de reporter le projet d'acquisition de cette GED en 2018, alors qu'un gros travail de prospection avait été réalisé et que notre choix était arrêté dès 2016. Une procédure de recrutement ayant été menée à bien début 2018 et une nouvelle salariée, Mme Frédérique Renard, devant arriver en août 2018 au SYSAAF, la GED est maintenant commandé et sa mise en place envisagée d'ici la fin d'année 2018.

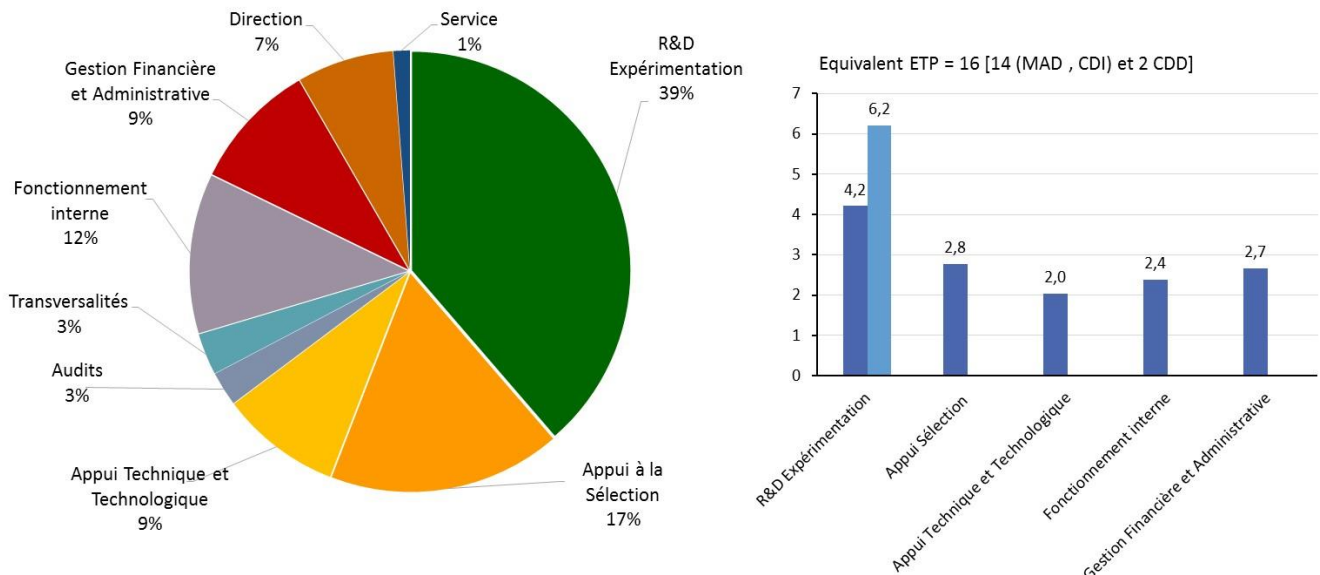
**Figure 7 :** Outil de gestion du temps développé en 2015 (V0) et une version V2 pleinement opérationnelle en 2017.



Par ailleurs, alors que nous avons identifié le besoin de quantifier finement la répartition des temps de travail des salariés notamment dans le cadre des programmes expérimentaux et du dossier CIR, nous avons fait le constat que l’agenda partagé que nous utilisons par ailleurs ne répond pas totalement aux besoins identifiés, de même que les outils commercialisés. Mme Amélie Bailliard a donc pour cela développé un outil de gestion du temps (OGT) en créant un classeur Excel adapté aux missions de chaque agent. Une version V0 de l’outil OGT a été disponible dès 2015 et une version V1 mise en œuvre en 2016. Prenant en compte cette expérience, une version V2 a été mise en place en 2017 (Figure 7).

Cet OGT permet de calculer automatiquement les temps de travail exprimés en heure et en pourcentage de chaque agent pour chaque activité, par jour, semaine et mois, avec des récapitulatifs mensuels et/ou annuels. Il permet aussi de gérer les congés, les RTT et les récupérations, en n’ayant besoin de ne compléter qu’un seul outil. Des systèmes d’autocontrôles sont mis en place pour alerter les agents en fonction du remplissage du temps de travail journalier (<7.6 ou >10h). Les temps mensuels de l’ensemble des agents seront compilés pour recenser la répartition des activités du SYSAAF, par processus (R&D et Expérimentation, Appui à la sélection, Appui technique et technologique, Qualité et audits, Informatique, Gestion Administrative et financière, ou encore Direction), ou encore plus finement pour chaque salarié dans chaque programme expérimental et/ou pour chaque adhérent, etc... (Figures 7 & 8). Cet outil est donc en soit un outil de support au management en permettant d’affiner la répartition des tâches entre les agents et d’estimer les besoins en compétences. Il permet aussi de disposer d’un outil pour justifier les temps de travail dans les programmes d’expérimentation pour nos financeurs et les services fiscaux (CIR), ainsi que pour affiner la tarification de l’appui technique apporté aux adhérents, en fonction de la nature et du degré de complexité des prestations. Ce dernier aspect a fait l’objet d’une discussion lors de l’AG 2017 et le SYSAAF s’est engagé à présenter un bilan des temps consacrés adhérent au regard de sa contribution financière pour l’AG 2018.

**Figure 8 :** Répartition annuelle des activités et nombre d’ETP par processus du personnel permanent (CDI & MAD) et temporaire (CDD, Stagiaires) du SYSAAF, en 2017.



### 2-3-5 Une formation professionnelle pour les salariés du SYSAAF

En dehors des 2 salariés du secteur administratif, l'ensemble du personnel du SYSAAF est constitué d'ingénieurs et/ou de docteurs dont les compétences mises en œuvre sont très spécifiques. Cette spécificité des métiers exercés nécessite en particulier le suivi de formations appropriées par les nouveaux recrutés pour devenir pleinement opérationnels sur des aspects biotechniques, génétiques, statistiques ou encore informatiques. Certaines formations sont accessibles auprès d'organismes, où dans le cadre de congrès et journées professionnelles (Annexe 4) ou techniques (Annexe 12) ou de programmes expérimentaux (Annexe 3). D'autres ne peuvent être assurées qu'en interne par d'autres agents du SYSAAF, principalement dans le cadre des transversalités pour un cumul de 800 heures.

Les formations assurées par les organismes agréés peuvent être partiellement prises en charge par l'OPCA Uniformation dont dépend le SYSAAF. Les agents ont également l'opportunité d'accroître leurs compétences via la réalisation d'une veille bibliographique, ainsi qu'au travers d'échanges informels avec les chercheurs facilités par notre hébergement au sein d'unités INRA et les conventions de partenariat que nous avons avec l'INRA, l'Ifremer et l'Anses.

### 2-3-6 Une gestion des risques professionnels

Les équipes du SYSAAF ayant fortement évolué, les registres spécifiques identifiant, analysant et évaluant les risques pour chaque agent des 2 sites d'implantation devront être mis à jour pour rester en conformité avec la réglementation. Néanmoins, si les missions sont exécutées par d'autres agents, la nature des activités reste globalement similaire et les registres identifiant la nature des risques professionnels en lien avec les missions est disponibles sur les sites respectifs. Ces registres ont été initialement réalisés à partir des fiches de l'outil de pilotage de la prévention de l'INRA (fiches OPPI) disponibles dans les différentes structures de l'INRA (URA Nouzilly, PEAT Nouzilly, LPGP Rennes) où sont hébergés les agents du SYSAAF.

## 2-4 Ressources financières

### 2-4-1 Budget annuel 2017

Le budget 2017 présente un déficit de 26.336€, pour un résultat d'exercice d'un montant de 1.334.172 €, avant prise en compte du CIR dont le montant sollicité est de 282.714€. Après prise en compte du CIR, le budget présente un excédent de 256.378€, pour un résultat d'exercice d'un montant de 1.590.550€ (Figure 8). Le niveau très élevé du CIR sollicité au titre 2017 résulte d'une stratégie (prise en compte des nouveaux programmes essentiellement et des programmes conduits en l'absence de financement externe) et d'un effet d'aubaine puisque le SYSAAF n'a quasiment aucune recette à afficher pour 2017 sur les programmes expérimentaux. Ce constat signifie que le niveau de CIR sera impacté par ce décalage dans les prochaines années et que le niveau atteint en 2017 sera difficile à reproduire, sauf à inclure la R&D réalisée dans le cadre de activités de traitement des données des adhérents. Nonobstant cette possibilité, une estimation permet d'escompter à terme un solde réel sur les actions de R&D et d'amortissement sur les investissements en équipement, un solde positif d'environ 150K€, après prise en compte des recettes à venir et taxes diverses. La décision de fiscalisation du SYSAAF en 2017 pour pouvoir prétendre au bénéfice du CIR s'avère donc très positive à ce stade, néanmoins il convient d'attendre le retour des services fiscaux pour en connaître exactement le niveau des implications positives.

Une comparaison avec le budget 2016, montre que le CIR explique quasi totalement l'augmentation de 30% du résultat de l'exercice 2017. A noter également la forte augmentation des lignes relatives aux programmes expérimentaux par rapport à 2016, mais avec un solde excédentaire inférieur à celui de 2016 (environ 200K€ vs 250 K€). Par ailleurs, le montant du coût global de la main d'œuvre impliquée dans les programmes de R&D étant estimé à 224K€ en 2017, cette ligne

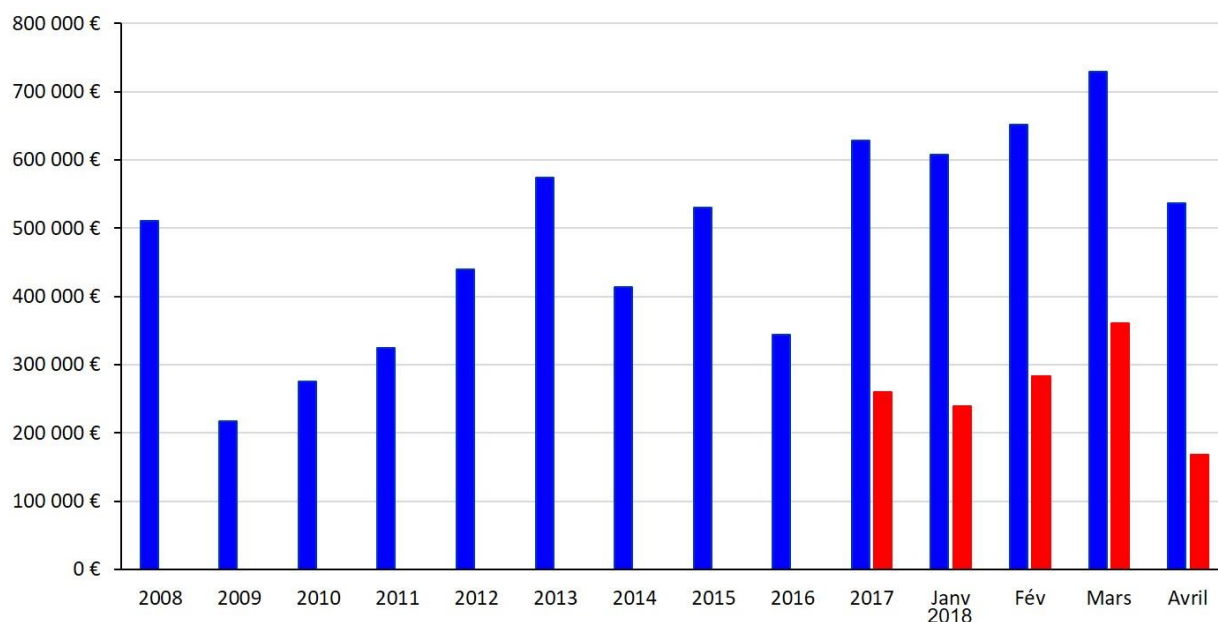


programmes expérimentaux est de fait déficitaire d'environ 29K€. Ce résultat est logique puisque les programmes expérimentaux ne sont jamais financés à 100%. Le budget de Base concernant le fonctionnement de base et l'appui technique aux adhérents est également déficitaire d'environ 58K€. Ceci alors que le soutien dans le cadre de l'enveloppe « CASDAR – Programme 775 » a augmenté de 384619€ en 2016 à 401.457€ en 2017 (+16.838€, +4,4% ; 346.652€ en 2015 et 350.000K€ en 2014). Ce soutien représente 30% du budget global (hors CIR) du SYSAAF en 2017 ou 25% (CIR inclut), mais 49% de la part relevant du budget des activités CASDAR présenté à FranceAgriMer.

Le budget "Résultats exceptionnel" est quant à lui excédentaire d'environ 55K€ (Hors CIR) ou 371K€ (CIR inclut). Le solde excédentaire du "Budget Résultats Exceptionnels" (Hors CIR) résulte essentiellement d'opérations par essence non-pérennes correspondant aux versements des soldes de programmes expérimentaux, antérieurement considérés comme créances douteuses pour cause de non recouvrement dans un délai supérieur à 3 ans après échéance.

Globalement, la répartition des charges est comparable avec celles des années précédentes, à l'exception des programmes expérimentaux en raison de l'investissement dans l'achat de puces de génotypage. Dans ce contexte, les frais de personnel ne représentent plus que 61%, au lieu de 68%, sachant en outre que la main d'œuvre impliquée dans le cadre des programmes expérimentaux représente environ 17%, les frais de personnel hors prise en charge par les programmes représentent environ 440%. Les frais de fonctionnement représentent 14,3% soit un pourcentage très comparable à ceux des années précédentes (15,5% en 2016, 16% en 2015 et 14% en 2014). La répartition des produits est très affectée par la prise en compte du CIR pour 18% et l'importante augmentation des programmes expérimentaux qui est de 28,5% au lieu de 24% en 2016. Dans ce contexte, le Programme CASDAR-775 qui en représentait 31% en 2016, ne représente plus que 25% et les facturations aux adhérents 21% au lieu de 31% en 2016. Le solde d'environ 6,5% correspond à des prestations non-lucratives à des non-adhérents et à des recettes exceptionnelles, par essence non-pérennes.

**Figure 7 :** Evolution du solde de la trésorerie en fin d'exercice de 2008 à 2018 et en fin de mois en 2018 (En rouge : après prise en compte de l'emprunt)



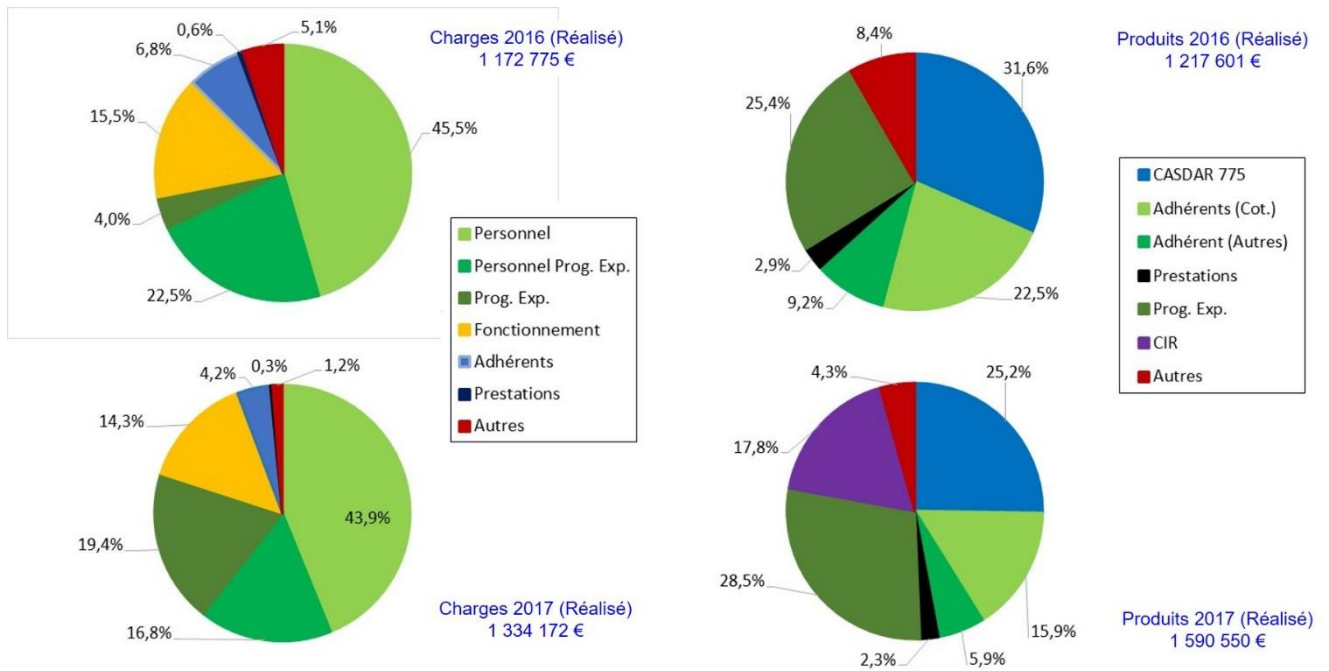
La trésorerie est positive 627 938€ au 31 décembre 2017, avec un solde positif apparent de 284 542€ ; néanmoins ce solde inclut les emprunts contractés auprès des adhérents concernés par les programmes expérimentaux pour un montant de 368 409€. Le solde réel de la trésorerie est donc de -83 867€. Le SYSAAF reste très dépendant de l'extrême variabilité des délais dans les lesquels sont effectués les versements du programme CASDAR 775 et des divers programmes expérimentaux. Par



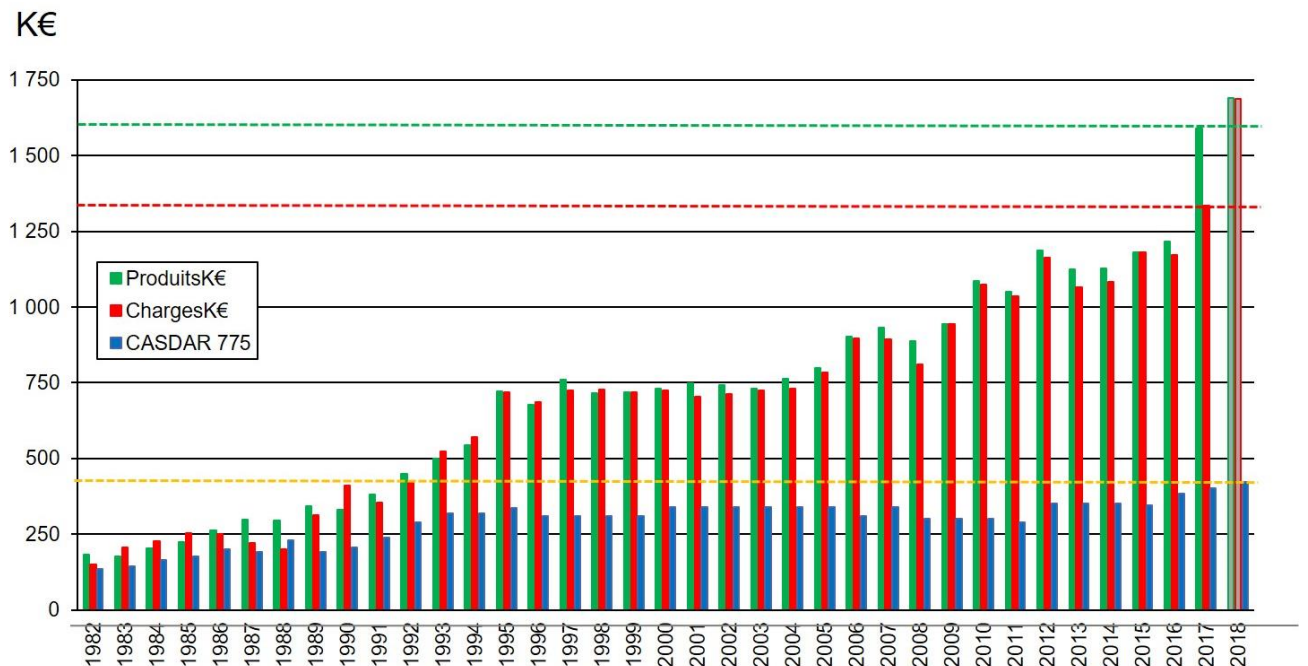


ailleurs, concernant les programmes financés par le FEAMP, le financeur ne fait plus d'avance et il faut attendre un an et avoir réalisé au moins 30% des dépenses pour pouvoir prétendre à un 1er versement. Les structures impliquées doivent donc faire une importante avance de trésorerie pour en bénéficier.

**Figure 8 :** Répartition des charges et produits des budgets 2016 et 2017 du SYSAAF.



**Figure 9 :** Evolution des budgets annuels du SYSAAF depuis 1982 et du soutien financier perçu annuellement dans le cadre aujourd'hui de l'enveloppe Génétique Animale (Programme CASDAR 775).



L'activité sous-jacente des agents du service administratif pour l'établissement des comptes 2017 représente 3634 écritures comptables (3898 & 3008 en 2016 & 2015) et 242 comptes mouvementés (241 & 214 en 2016 & 2015), soit un nombre identique une augmentation de plus de 25% par rapport à l'année précédente. Ce constat est une illustration si besoin est de l'augmentation du volume globale des activités des services administratifs et financiers (Cf. Annexe 10).



## 2-4-2 Tarifs des prestations aux adhérents en 2017

Correspondant à 21,8% des recettes, les contributions des adhérents sont constituées pour plus de 70% des cotisations annuelles et des frais de lignées, dont les montants sont réévaluables annuellement lors de l'assemblée générale. Les montants des cotisations annuelles qui sont différenciés selon le secteur d'activité (Avicole ou aquacole) et les catégories d'adhérent, sont stables depuis 2014, de même que les frais de lignées ; leurs modalités de facturation ayant été alors très substantiellement augmentés. En effet, le principe d'une évolution de leur mode de facturation avait alors été mis en application dans l'objectif d'établir une plus grande équité entre les adhérents, sans mettre en application le principe d'une tarification au temps passé stricto-sensu. Les situations respectives des secteurs aquacole et avicole sont différentes, c'est pourquoi des modalités de calcul des coûts des cotisations différentes à la lignée ont été mises en place pour ces deux secteurs. Concrètement, il en résulte une prise en compte du nombre de sessions de traitement pour le secteur avicole et de la nature des programmes de sélection dans le secteur aquacole.

La facturation d'une lignée pour le secteur avicole inclut un forfait lignée de base dont le montant X d'un montant de 150€ en 2017 est révisable annuellement. Une tarification complémentaire tenant compte du nombre de sessions (TS), ainsi que de la nature et du nombre de caractères (3 niveaux de tarification) est appliquée.

Une session correspond à un traitement de données, incluant le calcul de valeurs génétiques et la réalisation de choix (nombre de sessions = N). La nature et le nombre de caractères à traiter sont également pris en compte. Les caractères peuvent être continu ou discret (C ou D) et sont répartis en 3 classes selon leur nombre [ $<7$ ,  $\geq 7$  &  $<15$  ou  $\geq 15$ ]. La nouvelle chaîne de traitement Koala permet d'établir quasi instantanément un bilan annuel du nombre de sessions réalisées et de connaître le nombre et la nature des caractères traités.

- ✓ Tarif A : Session impliquant moins de 7 caractères continus :  $TS = (X / 5) \times N$ ,
- ✓ Tarif B : Session impliquant moins de 7 caractères, dont au moins un de nature discrète, ou plus de 7 et moins de 15 caractères continus et/ou discrets :  $TS = (X / 3) \times N$ ,
- ✓ Tarif C : Session impliquant plus de 15 caractères ou sélection génomique :  $TS = (X / 2) \times N$ ,

Dans l'hypothèse où une lignée ne fait l'objet d'aucun traitement dans l'année, l'adhérent se verra facturer une cotisation Lignée, mais aucune cotisation "Session".

Pour le secteur aquacole, le montant facturé tient compte de la nature du programme de sélection. Quatre typologies sont identifiées en fonction du mode de sélection pratiquée, en l'occurrence une pour les écloseurs (XaqE, d'un montant de 850€) et trois pour les sélectionneurs (Tarification lignée de base = XaqS, d'un montant de 1320€), correspondant aux formules de tarifications suivantes pour les différents types de programme :

- ✓ Sélection massale : = XaqS € (Tarification de base)
- ✓ Sélection massale assistée par empreintes génétiques : = XaqS +  $\frac{1}{2}$  XaqS
- ✓ Sélection généalogique avec BLUP : = 2 XaqS
- ✓ Lignée écloreur : = XaqE

Les résultats de l'analyse réalisée sur les données de facturation de l'année 2016, présentée lors de l'AG 2017 montrent que l'objectif d'équité entre les adhérents en tenant compte de la complexité de l'appui technique apportée n'est atteint dans aucun des secteurs. Celle-ci a été reconduite en 2017 et les résultats sont relativement comparables. Pour tendre vers plus d'équité, une augmentation de la tarification des sessions de traitement des catégories C et D devrait être envisagée dans le secteur avicole, alors qu'il conviendrait de fixer des tarifications pour les traitements de choix pour la multiplication, actuellement non facturés, et la sélection génomique dans le secteur aquacole. En effet, la sélection génomique pour les espèces avicoles ne fait pas actuellement l'objet de tarification



spécifique, alors que ce type de traitement est beaucoup plus chronophage, non plus que pour le secteur aquacole, alors que de 1<sup>ers</sup> traitements seront réalisés en 2018.

Les différentes tarifications qui n'ont pas évoluées pour 2018 sont disponibles sur le site internet du SYSAAF.

### **2-4-3 Evolution du statut fiscal du SYSAAF**

Prise en 2016, la décision de faire évoluer le statut fiscal du SYSAAF à compter de l'année 2017 est sans conteste un fait majeur de l'histoire du syndicat. Le SYSAAF a donc fait les démarches nécessaires auprès des services des impôts d'Indre et Loire, pour que le dossier soit traité par les services fiscaux, avant la date butoir du 31 Mars 2017. Le statut légal du SYSAAF reste celui d'un Syndicat professionnel, c'est-à-dire celui d'une association à but non lucratif, mais celle-ci sera dorénavant potentiellement redevable d'un impôt sur les sociétés (IS) au taux de 15% (vs 33,3%), puisque c'est le taux s'appliquant aux associations dont le chiffre d'affaire est inférieur à 1,5M€, ainsi que de diverses taxes connexes. Le SYSAAF devra ainsi également s'acquitter de la contribution économique territoriale (CET), c'est-à-dire à la Cotisation foncière des entreprises (CFE), la Cotisation sur la valeur ajoutée des Entreprises (CVAE) et la taxe d'apprentissage. Ce statut fiscal lui permet en contrepartie de prétendre au bénéfice du Crédit Impôt Recherche (CIR), sachant que la plus part des activités conduites par le SYSAAF peuvent potentiellement y donner lieu. Le montant exceptionnel sollicité par le SYSAAF au titre de l'année 2017 résulte d'une sorte d'effet d'aubaine, néanmoins il devrait rester intéressant pour les années suivantes puisque la prise en charge des programmes de R&D n'atteint jamais 100% et qu'en outre le SYSAAF a embauché plusieurs CDD en thèse CIFRE, ainsi que des ingénieurs titulaire d'une thèse dont c'est le 1<sup>er</sup> CDI.

Pour l'accompagner dans sa démarche, le SYSAAF a eu recours à l'expertise de M. Demailly du Cabinet Efficient Innovation, qui intervient par ailleurs déjà chez plusieurs adhérents du SYSAAF.

### **2-5 Adhérents**

Les listes d'adhérents et des espèces qu'ils sélectionnent, ainsi que l'historique des adhésions depuis 1991, année au cours de laquelle le SYSAF est devenu le SYSAAF en intégrant les espèces aquacoles, sont rapportées dans les figures 10 et 11, ainsi que les tableaux 3 et 4. Les coordonnées des adhérents, allant de la filiale de multinationale à l'association de sauvegarde de race locale ou de restauration écologique, en passant par des PME et TPE, sont rapportées en annexe de ce rapport (Cf. Annexes 1 [secteur aquacole] & 2 [secteur avicole]). Cet indicateur d'activité du SYSAAF peut être sensible à la qualité de l'appui technique apporté, néanmoins celui-ci est beaucoup plus sensible à d'autres facteurs de contexte dont en premier lieu la conjoncture économique souvent à l'origine de procédures de fusion-acquisition et de rachats éventuels. A ce titre, la concentration des entreprises de sélection au sein de grands groupes internationaux est de plus en plus perceptible au sein du SYSAAF. Ainsi ce ne sont pas moins de 8 structures qui sont filiales de tels groupes internationaux, 3 pour les groupes Grimaud et Hendrix Genetics et 1 pour les groupes Aviagen et LDC, représentant plus de la moitié des adhérents du secteur avicole. Cette tendance est également perceptible pour les adhérents du secteur aquacole car, même si elles ne représentent qu'un quart des adhérents du secteur, 5 entreprises adhérentes du secteur aquacole sont filiales des groupes leaders au niveau national que sont Aqualande (3) et Gloria Maris (2).

L'année 2017 a à nouveau été difficile pour certains des secteurs d'activité de nos adhérents du secteur avicole dont le nombre n'est plus que de 14 fin 2017. Les crises de l'influenza aviaire successives ont durement impacté les activités du maillon sélection de ces filières. L'impact immédiat est illustré par le rachat de la société Gauguet par le groupe Hendrix Genetics. Par ailleurs, la SAS Caringa, une autre filiale du groupe Hendrix-Genetics, n'a plus d'activité de sélection-accoupage et ses activités de sélection de lignées non-conventionnelles de dindes et de pintade ont été transférées à la société Hendrix-Genetics Turkeys France (HGTF) en 2018.





Concernant les races locales, la mise en application effective de la mesure PRM-A au profit des collectifs gestionnaires de races locales de volaille menacées d'abandon pour l'agriculture est effective dans plusieurs des Régions ayant inscrit cette mesure dans leur PDR ; néanmoins le versement des financements tarde. Des certificats de conformité ont été établis pour une 15<sup>aine</sup> de races locales par la responsable audit du SYSAAF, Mme Amélie Bailliard. La mise en œuvre de la PRM-A apparaît encore problématique dans plusieurs Régions ; certaines préférant d'ailleurs lui substituer une aide directe, sans doute par méconnaissance des modalités du dispositif mis en place qui est spécifique aux volailles et relativement simple à mettre en œuvre.

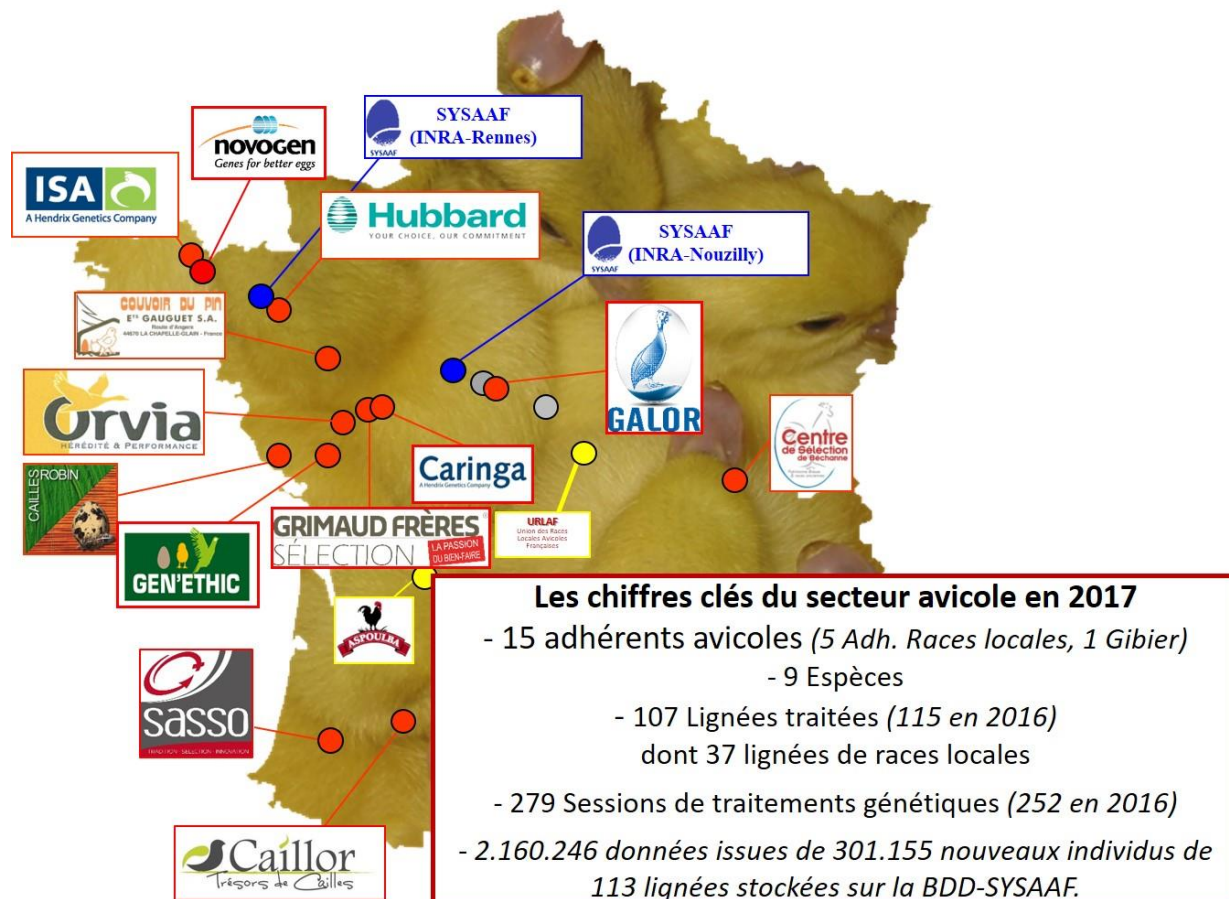
Des évolutions importantes ont également été observées pour le secteur aquacole. Le nombre d'adhérents a diminué de 22 en 2016, à 20 en 2017 et 19 début 2018. Quatre adhérents de ce secteur nous ont informé de leur volonté définitive ou ponctuel de ne pas renouveler leur adhésion au SYSAAF, à compter du 1<sup>er</sup> Janvier 2017. La SAS Gènocean du Groupe Grainocean a quitté définitivement le SYSAAF, alors que les SAS SODABO et Novostrea ont souhaité opter pour une suspension temporaire. La Fédération des Alpes-Maritimes pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique est quant à elle dans l'incapacité de poursuivre sa démarche suite au décès du responsable de leur pisciculture lors des attentats de Nice en 2016. Parallèlement, la demande d'adhésion de l'entreprise conchylicole (SCEA France-Haliotis) pour l'ormeau validée lors de l'AG 2016, sous réserve d'obtention d'une réponse positive à une demande de financement pour un programme de recherche auprès du FEAMP, est effective en 2017. Par ailleurs, la DRMM (Direction des Ressources Minières et Maritimes) a souhaité bénéficier de l'appui technique du SYSAAF au nom des instances gouvernementales de la Polynésie Française, pour un appui à la sélection de populations polynésiennes de crevettes bleues gérée sur le site de l'écloserie du Centre Technique Aquacole (CTA) VAIA de Vairao.



## Répartition des 33 adhérents du SYSAAF, fin 2017 :

- 14 adhérents pour le secteur avicole pour 9 espèces, dont 5 sélectionneurs de races «locales» et 1 de gibier. Le statut de ses adhérents est de type associatif pour deux d'entre-elles et d'entreprise privée pour les 13 autres (1 SCEA, 1 SARL, 11 SAS).

Figure 10 : Localisation (siège social) des entreprises avicoles adhérentes au SYSAAF en 2017



## - 19 adhérents pour le secteur aquacole, pour 16 espèces dont :

- 17 sélectionneurs : 7 d'espèces piscicoles dulçaquicoles (7 SAS), 4 piscicoles marines (3 SAS, 1 SCEA), 4 conchylicoles [3 ostréicoles (3 SAS) & 1 ormeau] et 2 crevetticoles (1 Asso.),
- 2 écloseurs : pour des espèces piscicoles dulçaquicoles dont 1 (Asso) pour l'activité de repeuplement-restauration écologique (1 SCEA).

Se répartissant donc en :

- 9 adhérents pour des espèces piscicoles dulçaquicoles, dont 1 pour l'activité de repeuplement-restauration écologique [7 sélectionneurs & 2 écloseurs ; 6 espèces : truite arc-en-ciel (6), truite fario (2), esturgeon sibérien (2), perche (1), omble des fontaines (1) & saumon de l'Atlantique (1)],
- 4 adhérents pour des espèces piscicoles marines [4 sélectionneurs ; 4 espèces : Bar (2), Daurade (2), maigre (1) & turbot (1)],
- 4 adhérents pour des espèces conchylicoles [3 sélectionneurs ; 4 espèces : huitre creuse (3), ormeau (1), palourde (1)],
- 1 adhérent & 1 membre associé pour une espèce crevetticole (2 sélectionneurs ; 1 espèce : Crevette bleue).



Figure 11 : Localisation (siège social) des entreprises aquacoles adhérentes au SYSAAF en 2017



Les implications possibles de l'adoption en 2016 de la loi sur la biodiversité et de la mise en place de l'APA au niveau Européen, résultant des accords de Nagoya (2010) et de sa déclinaison au niveau national ont fait l'objet d'une importante concertation avec les acteurs du secteur aquacole, en particulier ostréicole, et à un degré moindre avec les éleveurs de gibiers. Les points d'achoppement concernent en particulier les notions d'espèces domestiques et sauvages, ainsi que de populations et/ou variété domestiques pour des espèces présentes à l'état sauvage.

Le SYSAAF comptait donc 35 adhérents actifs et à jour de leurs cotisations lors de l'AG 2017, soit 20 adhérents pour le secteur aquacole et 15 pour le secteur avicole (Figures 10 et 11, Tableaux 3 et 4). Il faut y adjoindre également des entreprises étrangères qui bénéficient d'un appui technique récurrent ou ponctuel du SYSAAF dans le secteur aquacole.

## 2-6 Espèces

Le SYSAAF assure une mission d'appui technique à l'amélioration et la gestion des ressources zoogénétiques et aux biotechnologies de la reproduction dans le cadre d'une délégation de mission de la part de l'ITAVI (Arrêté du 31 juillet 2007) pour une liste restrictive d'espèces (Tableau 2), parmi lesquelles 12 ont fait effectivement l'objet d'activités de traitement de données au SYSAAF en 2017 (9 espèces avicoles et 3 aquacoles (Tableaux 3 à 5).

La précédente délégation venant à échéance fin 2017, le renouvellement de l'autorisation de l'ITAVI à nous déléguer des missions pour une nouvelle période de 5 ans a été sollicitée. Un avis favorable à cette demande a été donné lors de la CNAG du 13 Mai 2017. Après conclusion d'une convention de délégation avec l'ITAVI, le Ministère en charge de l'Agriculture a donné son autorisation pour son renouvellement pour une période de 5 ans (2018-2022). Parallèlement une demande d'extension de la liste des espèces à laquelle cette délégation s'applique a également été validée lors de la CNAG du 13 mai 2017, portant la liste à 37 espèces. Les 19 nouvelles espèces





aquacoles pour lesquelles l'extension a été accordée sont déjà présentes chez nos adhérents ou font l'objet d'élevage en France ou dans les territoires ultramarins. L'objectif est de prévenir les implications éventuelles de l'adoption en 2016 de la loi sur la biodiversité et de la mise en place de l'APA, résultant du statut sauvage actuel de ces espèces. Concernant les espèces avicoles, la liste comporte 11 espèces, mais seules 9 espèces sont actuellement gérées par le SYSAAF.

Le nombre de lignées pures ou populations par adhérent est de 1 ou 2 pour les espèces aquacoles et en moyenne supérieur à 8 pour les espèces avicoles. Globalement, 137 lignées (113 lignées avicoles [Dont 29 de races locales] & 22 populations aquacoles], ont fait l'objet d'un suivi en 2016, dont 110 ont fait l'objet de traitement de données pour une sélection généalogique avec connaissance des pedigrees individuels permettant d'utiliser le BLUP pour traiter les données. La gestion des lignées en sélection généalogique consiste à faire des tris successifs sur une ou plusieurs cohortes, le calcul des paramètres génétiques, (Indexation des candidats), le choix des reproducteurs de la génération N+1 permettant de gérer le niveau d'apparentement moyen des candidats et le choix des plans d'accouplements en tenant compte de l'apparentement permettant de gérer la consanguinité des descendants. Les données des individus de chaque lignée font donc l'objet de 2 à 4 sessions de traitements à chaque génération ; 2,6 en moyenne pour les lignées avicoles. La fréquence est fonction de l'intervalle de génération des espèces et du mode de conduite des programmes de sélection, c'est-à-dire du nombre de cohortes ou lots constituant une lignée.

- **Espèces aquacoles : 14** espèces aquacoles présentes chez nos adhérents font l'objet de protocole de sélection, auxquelles il faut en adjoindre une 15<sup>ème</sup> dans le cadre d'une prestation spécifique externe. Dans ce contexte, le SYSAAF a géré **22 lignées aquacoles, dont 8 en sélection généalogique avec utilisation du BLUP (9 en massale et 5 en massale intrafamiliale assistée par assignation de parenté [+1 non-adhérent])**, qui ont fait l'objet d'un suivi en 2016. **3 lignées de trois** espèces aquacoles présentes chez nos adhérents ont fait l'objet de traitements en 2017. Les animaux des espèces aquacoles sont normalement utilisés en lignée pure pour la production des produits commerciaux.

- **Espèces avicoles : Des données de 9 espèces avicoles** appartenant à 13 adhérents différents ont fait l'objet d'au moins un traitement en 2016. Ce nombre d'espèces ne prend pas en considération les spécificités du canard mulard qui est un hybride entre canard mâle de barbarie et une cane commune, généralement de race Pékin. En outre, les produits terminaux peuvent être soit le foie gras et le magret ou la chair pour les deux espèces de canards. De même, ils peuvent être soit l'œuf de consommation, soit la chair pour les espèces Gallus et caille qui ont de ce fait des objectifs de sélection diamétralement opposés. Ces différentes espèces se déclinent en un nombre important de lignées dont les objectifs de sélection diffèrent. Elles sont ensuite majoritairement utilisées en croisement pour la production du produit commercial, si l'on excepte la plupart des races locales. **En 2017, ce sont 107 lignées** [Dont 29 de races locales] qui ont fait l'objet de traitement de données [91, 107, 106 et 117, 124, 114 & 115 /an depuis 2010, respectivement]. Les choix de candidats et de propositions d'accouplement ont impliqué la réalisation de 279 sessions de traitements de données (268, 288, 280 & 252 depuis 2013). Par ailleurs, **113 lignées ou races pures ont fait l'objet d'enregistrement de 301.155 nouveaux individus dans la base de données SYSAAF, correspondant à 2.160.246 nouvelles données phénotypiques.**

Si les évolutions du nombre d'espèces concernées et du nombre de lignées ou races traitées sont des indicateurs importants de l'activité du SYSAAF au regard de sa mission, il faut néanmoins prendre en considération de nombreuses autres variables pour l'apprécier, en particulier le nombre et la nature des caractères traités. Le travail réalisé ne relève en aucun cas d'une activité de routine avec utilisation de programmes informatiques associés à des pondérations préétablies, mais bien d'une activité de recherche et développement, avec une prise en considération des spécificités de chacune des lignées à chaque génération.



**Tableau 3** : Liste des structures adhérentes au SYSAAF et domaine spécifique d'activités en 2018.

• **Gallus** [Poule pondeuse, Poulet de chair à croissance rapide ou lente, races locales]



• **Palmipèdes :**

**Canards** [Canard commun, canard de Barbarie & canard mulard] & **Oie** [A rôti (Oie blanche) et Foie gras (Oie grise)]



• **Autres espèces de volailles :** Caille japonaise, pintade, Dinde (races festives)



• **Gibiers :** faisan, perdrix rouge.



• **Salmonidés** (Truite arc-en-ciel, Truite fario, saumon atlantique, Omble de fontaine)



• **Autres espèces piscicoles :** Marines [turbot, bar, daurade, maigre] & Eau douce [Esturgeon (2), perche]



• **Crevettes et Mollusques** [Huitre creuse, palourde grise japonaise, ormeau, crevette bleue]



**Tableau 4 : Liste des structures du secteur aquacole ayant été adhérentes au SYSAAF depuis 1991.**

Adhérents	Espèce(s)	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018																
		3A	Truite Arc en Ciel					?					?																																
ADECAL (Nouvelle Calédonie)	Crevette bleue																																												
Alpes Aquaculture	Truite Fario					?																																							
Aqua.Etude.Indust	Silure, Carpe					?																																							
Aqualande - Les Sources de l'Avance	Truite Arc en Ciel																																												
Aquamay	Ombrine																																												
Aqua. Ouest	Truite Arc en Ciel					?											?																												
EM Gravelines	Bar																						?																						
Aquanord EMG-Icthus	Bar																																												
CNSS	Saumon Svg																							?	?	?	?	?																	
ELSAMER	Truite Fario																																												
Eclos. de Guyenne	Esturgeons sibérien & gulden																																												
Esturgeonnière	Esturgeon sibérien																																												
DRMM (Polynésie)	Crevette bleue																																												
Ferme Marine du Douhet	Bar, Daurade																																												
France Turbot Icthus	Turbot																																												
France Turbot	Turbot																																												
	Huitre																																												
Marinove	Huitre creuse																																												
FD29	Truite Fario																									?	?	?	?	?															
FDAAPPMA 06	Truite Fario																																												
France Haliotis	Ormeau																																												
Gènocean - Graineocean	Huitre creuse																																												
Lucas-Perches	Perche																																												
MIGADO	Saumon Svg																																												
Pisciculture Charles Murgat	Truite Arc en Ciel, Truite Fario, Omble alpin																																												
Milin-Nevez (AB)	Truite Arc en Ciel																																												
Novostrea	Huitre creuse																																												
P2M (Monaco)	Bar (Loup), Daurade																																												
Pisc. Font Rome	Truite Arc en Ciel																																												
Pisc. Menaouen	Truite Arc en Ciel							?									?																												
Les Poissons du Soleil	Maigre, Bar (Loup)																																												
Salmonidés D'Aquitaines	Truite Fario																																												
	Truite Arc en Ciel																																												
SATMAR	Huitre creuse, Palourde																																												
SODABO	Huitre creuse																												?	?															
SF Conchylicole	Huitre creuse																																												
Sparus																																													
Vendée Naissain	Huitre creuse																																												
Viviers de France	Truite Arc en Ciel					?																																							
Viviers de Sarrance	Truite Arc en Ciel																																												
<b>Sélectionneurs</b>		<b>5</b>																							12	17	17	<b>18</b>	<b>18</b>	17															
<b>Ecloseurs - Gestionnaires de Population</b>		<b>1</b>																							10	5	5	<b>4</b>	<b>2</b>	2															
<b>Nombre d'Adhérents (Actifs)</b>		<b>6</b>																							22	22	22	<b>22</b>	<b>20</b>	19															
<b>Nombre d'espèces faisant l'objet de traitements</b>		<b>2</b>																							11	12	12	<b>14</b>	<b>15</b>	16															
<b>Adhérents actifs</b>	Piscicoles Eaux Douces	<b>6</b>																							8	8	8	<b>9</b>	<b>8</b>	8															
	Piscicoles marines	<b>0</b>	<i>Cessation d'activité avec reprise</i>																													5	5	6	<b>4</b>	<b>4</b>	4								
	Restauration Ecologique	<b>0</b>	<i>Cessation d'activité sans reprise</i>																														3	2	2	<b>2</b>	<b>1</b>	1							
	Ostréicoles	<b>0</b>	<i>Suspension</i>																																					7	7	6	<b>6</b>	<b>4</b>	3
	Autres	<b>0</b>																																					0	1	1	<b>3</b>	<b>3</b>	3	
		<b>1991</b>	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	<b>2017</b>	2018																





**Tableau 5 : Liste des structures du secteur avicole ayant été adhérentes au SYSAAF depuis 1991.**

Entreprises "Adhérentes"	Espèce(s)	1979	1989	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	
C S Béchanne	Poulet de chair																															
<i>SIGT</i>	<i>Géline de T.</i>																											?	?	?	?	?
<i>ASPOULBA</i>	<i>P. Barbezieux</i>																															
ISA (Hendrix G.)	Poule pondeuse																															
<i>ISA</i>	<i>Poule pondeuse</i>																															
<i>Hubbard-ISA</i>	<i>Poule pondeuse</i>																															
<i>Hubbard-ISA</i>	<i>Poulet de chair</i>																															
Hubbard	Poulet de chair																															
Gauguet	P. Pond. "Noirans"																															
SASSO	Poulet de chair																															
Novogen	Poule pondeuse																															
URLAF	Gallus (Races locales)																															
Galor	Pintade																															
<i>Galor France</i>	<i>Pintade</i>																															
<i>Hubbard-ISA</i>	<i>Pintade</i>																															
<i>Houdoin</i>	<i>Pintade</i>																															
<i>Houdoin</i>	<i>Pintade</i>																															
Grimaud Frères Sélection	Canard Barbarie																															
	Canard Pékin																															
	Canard Mulard																															
<i>Option</i>	<i>Canard Pékin</i>																															
<i>Europigeon</i>	<i>Pigeon</i>																															
Gourmaud Sélection - ORVIA	Canard Barbarie																															
	Canard Pékin																															
	Canard Mulard																															
	Oie(s)																															
<i>SEPALM - ORVIA</i>	<i>Canard Pékin</i>																															
	Oie(s)																															
<i>Bréheret</i>	<i>Canard Barbarie</i>																															
	<i>Canard Pékin</i>																															
	<i>Canard Mulard</i>																															
Canarderie de la Ronde	Canard Colvert																															
<i>BETINA</i>	<i>Dindes</i>																															
<i>SICAMEN</i>	<i>Dindes "fermières"</i>																															
<i>Grelier</i>	<i>Dindes "fermières"</i>																															
Caringa (Hendrix G.)	Dindes "fermières"																															
Hendrix Genetics, Turkeys France	Dindes "fermières", Pintade																															
Gen'Ethic - Gibovendée	Faisan																															
	Perdrix rouge																															
Caillor	Caille																															
Caillor Robin	Caille																															
<i>France-Autruche</i>	<i>Autruche, Emeu</i>																															

### III - Missions et Activités de R&D du SYSAAF

Les missions et activités du SYSAAF relèvent majoritairement de la Recherche et du Développement et c'est dans ce contexte qu'il est acteur de la mise en œuvre de la politique nationale de gestion des ressources génétiques dans le cadre du "Programme pluriannuel du Progrès Génétique Animal CASDAR 2014-2020" du programme 775, au travers de l'action élémentaire 3 " Gestion optimisée du Patrimoine Zoogénétique d'Espèces Avicoles et Aquacoles", Cette action est en cohérence avec les objectifs du Programme national de développement agricole et rural (PNDAR) et s'inscrit dans le respect de :

- 1 - Textes règlementaires régissant les associations syndicales (Loi 1884),
- 2 - Statuts (Version adoptée en AG extraordinaire le 10 Juin 2010),
- 3 - Règlement Intérieur (Version adoptée en Conseil d'Administration le 6 Avril 2011),
- 4 - Délégation de responsabilités par l'ITAVI renouvelée pour la période 2018-2023.

La qualité de l'expertise du SYSAAF repose sur les compétences de ses ingénieurs qui sont mises à jours dans un processus de formation continu par renouvellement des connaissances en réalisant une veille bibliographique et en participant à des congrès scientifiques, mais en premier lieu au travers d'interactions fortes avec les acteurs de la recherche dans le cadre de co-construction et réalisation de projets de R&D. Concrètement, les ingénieurs du SYSAAF, au nombre de 12 en 2017 auxquels il faut adjoindre 2 thésards bénéficiant de financements CIFRE, ont été impliqués dans une 20<sup>aine</sup> de programmes de R&D à vocation finalisée en 2017, pour la réalisation desquels ils ont joué des rôles de coordinateur, porteur ou partenaire. Les chercheurs de l'INRA (Institut National de la Recherche Agronomique) occupe une place de choix dans ce partenariat, qui est conforté par l'existence d'un contrat cadre de collaboration entre nos structures, ainsi que de nombreuses conventions spécifiques. C'est dans ce contexte, que l'unité GABI du Centre INRA de Jouy-en-Josas est laboratoire d'accueil de deux salariés recrutés par le SYSAAF et bénéficiant de financements CIFRE pour réaliser leur thèse. Nos collaborations avec les chercheurs de l'Ifremer et de l'ANSES s'inscrivent également dans des cadres contractuels de partenariat. Dans ce contexte, une ingénieure a d'ailleurs été embauchée en CDI par le SYSAAF en 2017 et mise à disposition de l'ANSES pour coordonner la réalisation d'expérimentations de phénotypage pour la résistance à des pathogènes chez les espèces piscicoles. Ces expérimentations sont réalisées sur la plateforme expérimentale Fortior-Genetics, basée au sein de l'Unité de Pathologie Virale des Poissons de l'ANSES sur le site Ifremer de Plouzané. Nos interactions avec d'autres équipes de chercheurs du CNRS, du Muséum, du CIRAD, d'IRSTEA, de laboratoires universitaires, ou encore d'écoles d'ingénieurs donnent également lieu à des collaborations dans le cadre de programmes de recherche avec établissement de conventions spécifiques. Depuis 2017, le SYSAAF est également membre de l'UMT-Bird 3 constituée avec l'ITAVI, l'INRA et l'ITAB, dont les thématiques concernent les systèmes de production avicole. Les interactions avec des organismes de recherche étrangers sont également en nombre croissant et s'inscrivent majoritairement dans le contexte de programmes de recherche bénéficiant de soutiens Européens.

Au-delà des interactions avec les chercheurs des organismes de recherche, l'opérationnalité du SYSAAF dans les processus d'innovation est tributaire de partenariats avec des structures de développement spécialisées, constituant un réseau informel de plateformes techniques pour nos adhérents : ThermoFisher-Affymetrix pour le développement de puces de génotypage, Labogena DNA, la Plateforme INRA Gentyane, ou encore les entreprises Xelect et Eurofins pour le génotypage, les plateformes INRA Get-Plage et SIGENAE pour le séquençage et la bio-informatique, un laboratoire CNRS de l'Université de Montpellier pour du séquençage en Rad-Seq, la Cryobanque Nationale avec ses sites de stockage secondaire de Nouzilly (Espèces avicoles) et de Saint Aubin du Cormier (Espèces aquacoles) pour la cryopréservation, les dispositifs d'expérimentation en milieux confinés de l'Unité ANSES de Pathologie Virale des Poissons sur le site de Plouzané pour les



challenges pathologiques. Ces partenariats sont facilités par une implication dans les instances décisionnelles et/ou opérationnelles, de diverses instances d'orientation et de définition de priorités de la recherche comme le Comité Directeur de la Cryobanque Nationale, le Comité d'Orientation Stratégique de la Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité, le Conseil d'Administration et Conseil Scientifique d'AGENAVI, le Conseil Scientifique de l'ITAVI, les Directoires opérationnels et Comités stratégiques des GIS "Avenir Elevage " et "Pisciculture Demain" ou le Comité d'Orientation Thématique Santé et Bien-être animal de l'ANSES. Nos interactions sont également nombreuses avec les structures professionnelles et interprofessionnelles aquacoles et avicoles comme le CIPA, le CNC, le CIP, le SNA, le CIFOG, le CNPO, le SENC, le SNP GC, l'InterproChasse ou encore le Synalaf. Au niveau Européen, le SYSAAF est membre de l'EFFAB (European Forum for Farm Animal Breeding), organisation européenne regroupant des sélectionneurs de diverses espèces animales domestiques. Via l'EFFAB qui participe à la plateforme européenne FABRE-TP, il nous a été possible de contribuer à différentes démarches au niveau de l'Union Européenne, comme la définition de priorités scientifiques ou l'expression d'avis sur les rapports scientifiques rédigés sous l'égide de l'EFSA.

Les résultats acquis dans ces programmes de R&D font l'objet d'une 50<sup>aine</sup> de communications annuelles sous la forme de présentations lors de journées techniques du SYSAAF, de journées professionnelles et de congrès scientifiques, ainsi que de publications scientifiques et d'articles de vulgarisation (Annexe 1). Les objectifs de transfert sont atteints via une démarche top-down de mise en application directe des résultats acquis en interne au SYSAAF et/ou chez nos partenaires.

Tenant compte des objectifs spécifiques de chacune des espèces et/ou de chaque partenaire, le SYSAAF s'implique aujourd'hui dans le développement d'outils et de méthodes comme le phénotypage haut-débit, le génotypage, le séquençage, la cryopréservation, les biotechnologies de la reproduction, le plus souvent couplé à l'utilisation des technologies du numérique, d'analyse d'image et d'identification électronique, ainsi qu'à l'appropriation d'approches et de méthodes nouvelles (outils statistiques d'aide à la décision, modélisation, simulation, puces de génotypage, pack logiciel d'analyse des données génomiques, pipeline bioinformatique, etc...). Ces activités de recherche-développement et de transfert conduites par le "SYSAAF" relèvent de 2 thématiques finalisées :

**1-La préservation du patrimoine génétique (T1),**

**2-Le développement et l'optimisation d'outils et méthodes de sélection avec pour 1<sup>er</sup> enjeu une augmentation du potentiel de production permettant à nos partenaires de répondre aux besoins de compétitivité économique des filières, tout en anticipant les implications des politiques publiques et prenant en compte les enjeux de l'agroécologie et de la demande sociétale (T2).**

et se déclinent en 5 objectifs de R&D opérationnels (1 à 5) et 1 objectif support (6) :

**1-Caractériser, gérer, sécuriser in situ ou ex situ, in vivo ou ex vivo la diversité génétique de populations commerciales ou locales et expérimentales, d'espèces avicoles et aquacoles (T1),**

**2-Sélectionner les populations avicoles et aquacoles [commerciales, expérimentales, races locales, espèces en cours de domestication] sur des caractères d'intérêt spécifiques, prenant en compte des enjeux multiples (économiques, qualité des produits, environnementaux, sanitaires, bien-être animal, éthique, autres...) (T1 & T2),**

**3-Mettre au point des outils et de nouvelles méthodes de phénotypage haut-débit pour quantifier les caractères d'intérêt actuels et nouveaux, chez les espèces des filières avicoles et aquacoles (T2),**





**4-Développer des ressources génomiques et des outils de génotypage et les mettre en œuvre chez les espèces des filières avicoles et aquacoles (T1 & T2),**

**5-Optimiser l'efficacité des schémas de sélection en faisant évoluer les outils et méthodes informatiques de saisie, stockage et traitement des données, ainsi que de choix des candidats et des plans d'accouplement (T1 & T2).**

**6-Objectif support: Développement et mise à disposition de plateaux techniques spécialisés internalisés ou externalisés.**

En raison de la spécificité des objectifs de sélection des acteurs, les activités de recherche-développement conduites en 2017 par le SYSAAF se déclinent en de nombreux programmes de recherche et développement faisant l'objet d'une présentation correspondant aux objectifs opérationnels. Ces programmes peuvent selon les cas être réalisés en conditions contrôlées dans des unités expérimentales des organismes de recherche ou en conditions de production commerciale chez nos partenaires et bénéficier d'un financement public partiel ou être réalisés sur fonds propres. Les programmes ayant bénéficié d'un financement public présentés sont identifiés dans le rapport et la liste est rapportée en annexe (Annexe 2).

### **3-1 Appui technique à la sécurisation de la diversité génétique et à la sélection génétique**

*(Thématiques 1 & 2, Objectifs opérationnels 1 & 2)*

La première mission du SYSAAF est d'offrir un appui technique pour la sécurisation et la gestion de la diversité génétique, ainsi que la sélection génétique des lignées ou races, au sein des filières avicoles, relevant des 2 thématiques et correspondant aux objectifs 1 et 2. Dans ce contexte, les sélectionneurs peuvent ainsi bénéficier de conseils avisés pour la mise en place de schémas de sélection pour de nouvelles espèces, de nouveaux caractères, de nouvelles conditions et conduites d'élevage en sélection, éventuellement chez de nouveaux sélectionneurs, puis pour le choix de reproducteurs performants et des plans d'accouplements appropriés.

#### **3-1-1 Sélection génétique**

Au-delà de l'indexation des candidats à la sélection, le choix des futurs reproducteurs et l'établissement des plans d'accouplements doit permettre de maximiser le gain génétique immédiat, tout en contrôlant l'évolution de la variabilité génétique pour préserver les capacités de sélection dans l'avenir. La conduite des opérations d'indexation est confiée à des chefs de projets qui réalisent les calculs et savent pouvoir référer au responsable de la transversalité "évaluation génétique", en cas de difficultés. Cette étape déterminante implique, dans la mesure du possible, une étroite collaboration avec le généticien de l'entreprise concernée, après examen et validation d'un scénario choisi dans une palette étendue. Il s'agit de moments d'échanges privilégiés particulièrement appréciés.

En sélection massale sans **(1)** ou avec pedigree établi par empreintes génétiques **(2)** [Secteur Aquacole], et en sélection généalogique avec pedigree **(3)** établi au couvoir (Aviculture) ou par empreintes génétiques (Espèces avicoles et aquacoles) les opérations successives qui relèvent de la recherche et développement consistent à :

- remonter les généalogies et performances collectées sur le terrain, dans la base de données SYSAAF **(1, 2 & 3)**,
- valider les données après avoir effectué des opérations de contrôle élémentaire **(1, 2 & 3)**,
- proposer ou valider des tronçures de sélection successives **(1 & 2)**,
- calculer des index phénotypiques normalisés **(1 & 2)**,
- estimer les paramètres génétiques **(3)**,
- contrôler la qualité des fichiers de départ des échantillons aux laboratoires de génotypage **(1, 2 & 3)**,
- contrôler la qualité des fichiers de retour des assignations de parenté des laboratoires de génotypage **(1, 2 & 3)**,



- estimer les valeurs génétiques des candidats à la sélection en utilisant différents modèles (BLUP, VCE, TM, modèles à seuil...) en fonction de la nature des caractères à traiter (Continus, discrets) (3),
- établir, un classement non biaisé des candidats à partir de ces valeurs, sur la base des critères et objectifs souhaités par les adhérents (3),
- proposer les candidats susceptibles de faire évoluer favorablement la moyenne de la population en optimisant la préservation de la variabilité génétique de chaque population (1, 2 & 3),
- proposer un plan d'accouplement entre des reproducteurs peu apparentés afin de minimiser l'accroissement de la consanguinité des descendants de la génération suivante (1, 2 & 3),
- échanger avec les adhérents pour la mise en place de nouveaux critères de sélection et/ou de nouvelles stratégies (1, 2 & 3),
- présenter une synthèse des travaux réalisés lors de réunions de bilan avec l'adhérent, impliquant la participation de différents acteurs des services sélection (1, 2 & 3).

**Figure 12** : Schématisation des outils informatiques mis en œuvre chez les adhérents du SYSAAF et en interne, dans le cadre de la mission d'appui technique à la gestion et à la sélection génétique des espèces aquacoles et avicoles



En 2017, ce sont 14 entreprises avicoles et 3 structures aquacoles qui ont fait appel à ce service, pour un total de 110 lignées (107 avicoles [Dont 29 de races locales], 3 aquacoles) de 14 espèces différentes. La périodicité à laquelle les traitements de données pour une lignée donnée sont réalisés dépend du cycle biologique de l'espèce et du rythme de sélection mis en place par le sélectionneur concerné. Dans le secteur avicole, l'intervalle de génération est de 6 mois pour la caille, à 24 mois pour l'oie, le rythme de renouvellement étant le plus souvent annuel. Il est très variable pour les espèces aquacoles, généralement compris entre 2 à 7 ans, mais seulement de 9 à 12 mois chez les crevettes. En raison du nombre de lignées et de l'obligation de faire des tris successifs, des analyses de données sont donc réalisées en continu et ce sont plus de 280 sessions de traitements qui ont été réalisées en 2017. Dans le secteur avicole, les 107 lignées se répartissent en 3 catégories correspondant aux conditions de facturation (A = 31%, B = 42% et C = 24%). Il est intéressant de constater que si la catégorie A était majoritaire en 2014, la catégorie B est majoritaire depuis 2015, et les catégories B et C représentent les 2/3. Une évolution qui illustre la complexification de l'expertise sollicitée auprès des agents du SYSAAF puisque ces 2 catégories correspondent aux traitements les plus complexes et chronophages. Le nombre moyen de sessions par lignée avicole est de 2,6 et compris entre 1 et 8, correspondant à autant de stades de choix-sélection de candidats reproducteurs. Compte tenu du nombre de lignées sélectionnées, des espèces variées et des cycles



appliqués, une planification préalable est donc primordiale pour s'assurer de la disponibilité d'agents. Par ailleurs, le respect ultérieur des plannings transmis par les adhérents est donc une condition sine qua non de l'efficacité et de la qualité du travail de recherche et développement réalisé.

Dans le secteur aquacole, les 5 sessions réalisées en 2017 concernent 3 lignées en sélection généalogique avec utilisation du BLUP, sachant que d'autres lignées ont également fait l'objet de choix pour une gestion massale intrafamiliale assistée par assignation de parenté, les autres étant conduites en sélection massale. Des choix selon des critères spécifiques de reproducteurs destinés à la multiplication, nécessitant la réalisation de sessions de traitements complémentaires complexes, sont également réalisés pour certains adhérents d'espèces aquacoles, mais également avicoles.

Des bilans réguliers des programmes de sélection sont également réalisés avec les adhérents. C'est une opportunité pour les collaborateurs du SYSAAF à cette occasion qu'émerge de nouvelles demandes d'évolution de l'organisation du schéma de sélection et/ou d'appui technique pouvant nécessiter un travail de simulation et/ou la mise en place de programmes de R&D.

### **3-1-2 Appui à la Sauvegarde des races locales de volailles**

Outre, la gestion de 29 populations de races locales en sélection généalogique en particulier au travers du choix des candidats à la reproduction de la génération N+1 et de la proposition des plans d'accouplements, le SYSAAF a été initiateur d'une démarche auprès du Ministère en charge de l'Agriculture, pour que ces races puissent bénéficier de financements. La démarche initiée a permis de mettre en place la mesure PRM-A au niveau national après activation d'actes délégués dans le cadre du règlement communautaire (N807/2014). La PRM-A mise en place peut permettre aux collectifs gestionnaires des races locales reconnues comme étant menacées d'abandon pour l'agriculture de bénéficier d'un financement dans les Régions qui ont inscrit cette mesure dans leur PDR (Plan de développement Régional). En 2016, le SYSAAF avait largement contribué à finaliser l'élaboration des formulaires de sollicitation du financement et des fiches de contrôle ad-hoc, préalable nécessaire à la mise en œuvre effective de la mesure. La mise en œuvre de la PRM-A apparaît aujourd'hui problématique au sein de plusieurs Régions, y compris pour celles qui ont activées la mesure dans leur PDR, puisque certaines préfèrent lui substituer une aide directe.

Quoi qu'il en soit, le SYSAAF, en s'inspirant de la démarche mise en œuvre pour les productions "Label-Rouge" de volailles a réalisé de nombreux audits permettant à plusieurs races d'être éligible à cette mesure. Les associations de races doivent pour cela être capables d'attester d'un suivi pedigree de leur cheptel et du respect de seuils minimums pour les effectifs de reproducteurs mâles et femelles, ainsi que de descendants candidats. Ces seuils correspondent à ceux applicables aux races à diffusion limitée dans le Référentiel RefAvi-SYSAAF 2014. Ces données démographiques doivent être vérifiables et pour se faire être consignées dans un livre généalogique et attestées par un organisme technique reconnu. Dans ce contexte réglementaire, le SYSAAF qui apporte son appui technique dans la gestion génétique et la gestion du livre généalogique de ces races, est également en capacité d'attester du bon respect des règles en vigueur. Une 15<sup>aine</sup> de collectifs de races locales, pour lesquelles les critères de seuils et de gestion pedigree sont respectés, disposent d'ors et déjà d'un certificat établi par le service audit du SYSAAF attestant de la conformité de leur population et leur permettant de faire valoir leur droit.

### **3-1-3 Cryopréservation de ressources biologiques avicoles et aquacoles**

La cryopréservation de gamètes ou de larves est le complément ex situ de la démarche de gestion et de sécurisation in situ des ressources génétiques évoquée précédemment. Le SYSAAF coordonne les activités de la cryobanque aquacole et gère la collecte et la congélation d'échantillons





approvisionnement les sites 1<sup>ère</sup> et 2<sup>ème</sup> de la cryobanque avicole nationale dans le cadre d'une prestation réalisée pour l'INRA dans le cadre du programme CRB-Anim.

Concernant les espèces avicoles, 80 coqs de l'espèce Gallus issus de 2 populations de races locales (Faverole et une lignée de Bresse Blanche) on fait l'objet d'un programme de cryopréservation de gamètes au 1<sup>er</sup> semestre 2017. Sachant que nous ne pouvons cryopréserver les semences de plus de 9 coqs au cours d'une même série, ce sont **154** séries de congélation de sperme qui ont été nécessaire à la réalisation de **3 513** paillettes individuelles pour ces 80 coqs. Las, le SYSAAF a été victime d'actes de malveillance au cours du 2<sup>nd</sup> semestre 2017, au sein des locaux de l'INRA, avec en particulier pour conséquence au mois de novembre la destruction de ce stock de paillettes, ainsi que de tous les échantillons stockés par le SYSAAF depuis 1998, hors collections de la cryobanque nationale. En effet, les bombonnes de stockage ont été ouvertes et les échantillons biologiques étant partiellement décongelés et irrécupérables au moment où nous avons constaté les faits, ceux-ci ont dû être jetés. Le préjudice qui en résulte est conséquent, justifiant le dépôt d'une plainte, mais également la mise en place de mesures correctives pour mieux sécuriser nos matériels et échantillons biologiques.

Figure 13 :

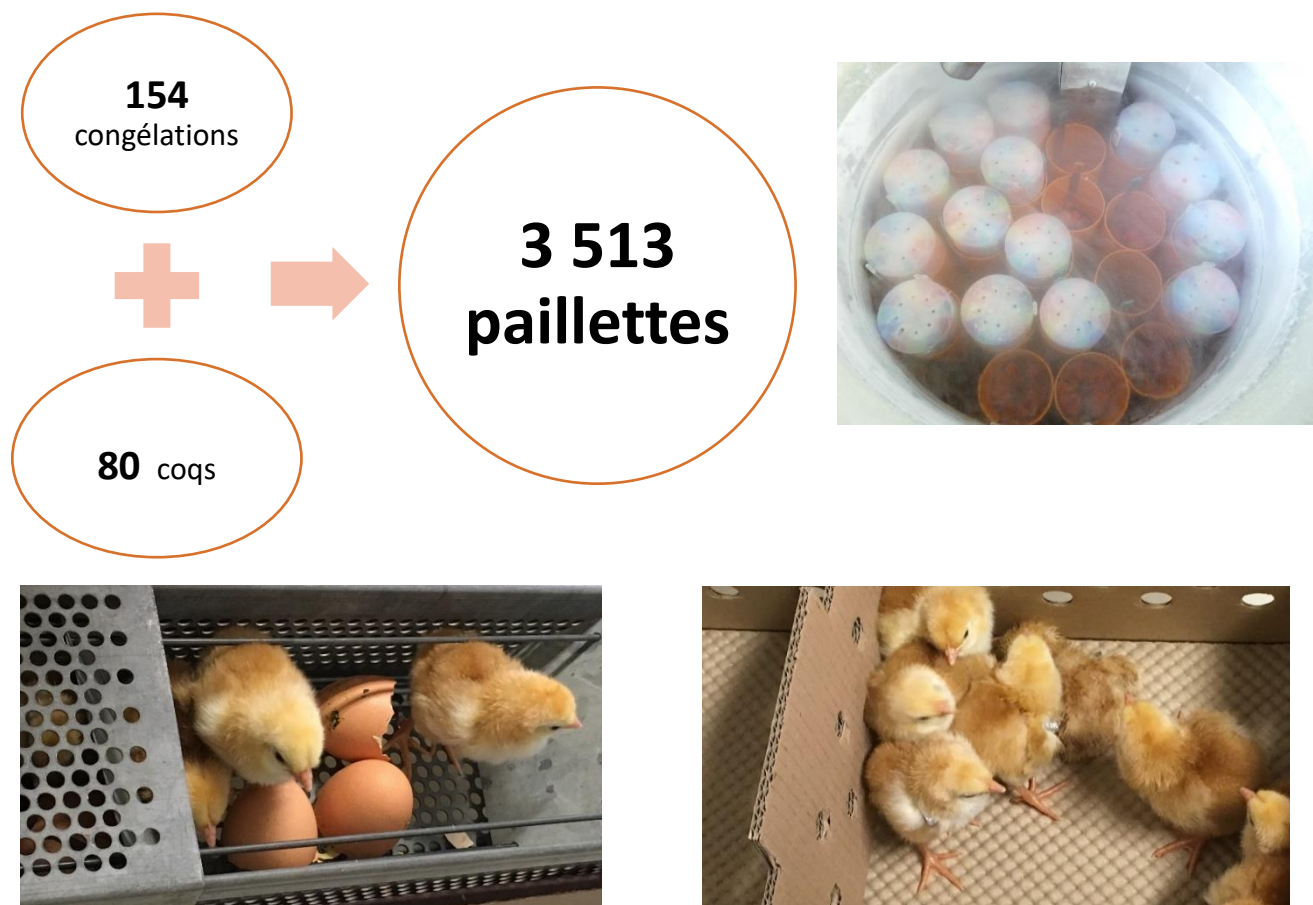


Illustration de l'intérêt potentiel de ses collections pour sécuriser des races locales et des populations commerciales ou expérimentales, nous avons été sollicités par l'INRA pour pallier à la perte de diversité génétique de la lignée expérimentale R+ (lignée INRA sélectionnée pour sa forte consommation alimentaire résiduelle, mais peu fertile). De la semence de coqs représentant 2 des 3 familles ayant été cryopréservée en 2003, des paillettes ont été sorties de la cryobanque et utilisées pour inséminer des poules de la même lignée afin de produire de nouveaux coqs. Quatre des six mâles utilisés pour les inséminations ont eu une descendance, dont trois une descendance mâle. Lorsque ces animaux seront matures, leur semence sera à nouveau cryopréservée afin de renouveler le stock de paillettes disponible en cryobanque.



Concernant les espèces aquacoles, le SYSAAF a coordonné en 2017 la congélation de paillettes de semences de bar, de daurade et de truite pour la Cryobanque Nationale. Ces congélations ont été assurées par un prestataire (Groupe Evolution), dans le cadre de la convention de partenariat "CryoAqua" impliquant, outre le groupe Evolution et le SYSAAF, l'Ifremer, l'INRA, et le GIS Cryobanque Nationale.

### **3-2 Développement de nouvelles méthodes de phénotypage bas et haut-débit et quantification de nouveaux caractères d'intérêt**

*(Thématique 2, Objectif opérationnel 3)*

#### **3-2-1 Objectifs**

Dans une démarche à long terme, les entreprises de sélection investissent pour adapter leur produit aux attentes du marché, des consommateurs et des citoyens. Les investissements et les pressions de sélection permettent des améliorations après au minimum 2 à 3 générations de sélection. Anticiper ces attentes est une des conditions d'adaptation et de compétitivité des entreprises face à la concurrence internationale et correspond à la mission 1ère du SYSAAF. Si les caractères de production, tels la croissance, les rendements, les performances de reproduction, la consommation alimentaire, etc., figurent parmi les priorités de toutes les filières de production animale, l'identification de nouveaux caractères et/ou de nouvelles méthodes de quantification, l'estimation des gains potentiels par estimation des paramètres génétiques (héritabilité, corrélations génétiques avec d'autres caractères de production) et la mise au point de méthodes de mesure rapides et peu coûteuses (phénotypage) constituent aujourd'hui des objectifs incontournables. Dans ce but, le SYSAAF conduit des travaux expérimentaux visant à développer, tester et valider diverses nouvelles méthodes de phénotypage pour l'ensemble des caractères intéressants potentiellement les entreprises françaises de sélection. Ces développements sont généralement réalisés dans le cadre de programmes d'expérimentations ciblés car ils requièrent généralement des expertises scientifiques et/ou techniques spécifiques. En fonction des mises au point nécessaires, les méthodes de phénotypages développées se situent respectivement à différents stades pré-compétitifs entre leur développement ou leur validation, l'étape ultime étant le stade compétitif de transfert et mise en œuvre au sein des entreprises. Les données de phénotypage collectées peuvent ensuite indifféremment être utilisées dans des programmes de sélection génétique généalogique et/ou génomique, mais la quantification d'indicateurs pertinents pour des caractères complexes comme la robustesse, la résilience, le bien-être, a d'autant plus d'intérêt lors d'une utilisation en sélection génomique. Seuls les développements de méthodes de phénotypages initiés, réalisés ou validés en 2017 sont présentés dans ce chapitre du dossier. Par contre, les phénotypages réalisés dans le cadre de programmes en utilisant des méthodologies éprouvées, par exemple pour générer des données expérimentales indispensables au développement d'outils pour la sélection génomique ou à la comparaison de systèmes d'élevage pour évaluer les éventuelles interactions génétique-environnement, n'y seront pas présentés.

Concernant les espèces aquacoles, plusieurs méthodes de phénotypages sont à divers stades de développement, de validation ou de transfert et de mise en œuvre par le SYSAAF et concerne les méthodes de mesures des caractères de pontes chez la truite (système VisEgg), de prédiction des rendements de parage par vision numérique sur darne chez la truite (système VisDarne), de l'aptitude à la résistance génétique à divers pathogènes chez les poissons dans le cadre de la plateforme Fortior Genetics et divers projets (PerformFish) ou chez les mollusques (Resipal, Vivaldi), de caractérisation de la morphométrie externe chez l'huître creuse et la palourde (Vivaldi), de prédiction du sexe in-vivo par ultrasons chez la perche (Sex'n Perche), de la composition en acides gras omega-3 de la chair de truite par spectrométrie vibrationnelle de type Raman, ou enfin pour



estimer la faisabilité de la mesure de l'efficacité alimentaire individuelle chez la daurade (PerformFish).

Concernant les espèces avicoles, un projet majeur (Eva-HD) concerne la mise au point d'un automate circulaire de pesée, permettant de caractériser le comportement alimentaire individuel d'animaux élevés collectivement et de quantifier en continu la consommation alimentaire et le poids vifs en vue de caractériser la variabilité génétique de nouveaux critères de sélection.

Ces mises au point technologiques sont conduites en étroite interaction avec les programmes répondant aux objectifs 4 et 5 puisque qu'elles sont complémentaires au développement de ressources génomiques et à l'initiation de la sélection génomique chez nos espèces (Objectif 4) et nécessitent de nouveaux outils informatiques et méthodes de traitements (Objectif 5). Ce dernier point permet une efficacité de valorisation directe par les entreprises garantes du maintien de leurs capacités d'innovation et de performance dans un milieu concurrentiel à l'échelle européenne (bar, daurade, huitre) ou mondiale (truite).

### **3-2-2 Etat de l'art, Aléas, incertitudes scientifiques, verrous technologiques, démarche expérimentale, travaux R&D réalisés**

#### **A - Phénotypage de caractères reproductifs**

L'amélioration génétique des caractères de reproduction, principalement les caractères de ponte chez les femelles des espèces aquacoles est une priorité chez les sélectionneurs. Une autre concerne les conditions de maîtrise d'expression du sexe phénotypique permettant de produire des populations monosexes femelles ou mâles en fonction du sexe désiré.

##### **a - Phénotypage de caractères de ponte**

L'introduction d'une sélection sur les caractères de ponte suppose la mesure de performances (taille des œufs, nombre d'œufs, couleur, rapport gonado-somatique) sur des femelles collatérales ( $n = 1500-2000$ ). L'estimation des performances de reproduction implique le comptage et la mesure répétitive de 50 à 100 œufs et leur pesée par mère, qui rapporté au poids de la ponte globale permet d'estimer le nombre d'œufs total produit par mère et sa fécondité relative (nombre d'œufs / kg de femelle). Compter et mesurer individuellement 50 à 100 œufs par mère pour 1500 à 2000 mères représente un travail fastidieux, long et source d'erreurs de comptage et/ou de traçabilité. Cette quantité de travail explique en grande partie pourquoi ce type de caractère n'est pas pris en compte dans les programmes de sélection et ne peut être envisagé sans une automatisation du comptage et du traitement des données pour générer les données de performances attendues. La mise au point d'une méthode automatisée de comptage des œufs pour la sélection implique le choix d'un système de prise de vues adaptée sur un lot de 50 à 100 œufs (taille de l'ordre de 4-5 mm) limitant les risques de confusion entre les œufs en contact. Pour une mise en œuvre sur le terrain, un tel dispositif doit être facilement utilisable en ambiance humide sur le site de la pisciculture, mais également utilisable par du personnel ne disposant pas de compétence particulières en imagerie. Le système doit donc être standardisable et générer des données répétables intégrant une variabilité de conditions environnementales d'éclairage et de manipulations. Enfin, au regard du nombre important de fichiers photographiques initiaux générés ( $> 1500$  par génération), il importe aussi de mettre en œuvre un système de traçabilité robuste et simple entre l'individu et la photo de sa ponte.

A cette fin, un système de prise de vue numérisé VisEgg a été développé en collaboration avec l'INRA dans le cadre du projet BestOv (Haffray et al., 2017). Sur le principe, l'échantillon d'œufs est rétro-éclairé et chaque lot est pris en photo par-dessus dans une boîte de pétri placée sur un négatoscope. Une macro sépare chaque entité et calcule sa surface individuelle.







**Figure 14** : Négatoscope de prise de vue, image obtenue et la même image traitée pour compter les œufs et estimer leur surface individuelle.

Un lot de 2000 filles collatérales de la sélection issues de l'ordre de 600 familles a été dérivé d'un programme de sélection (Haffray et al., 2017). Les pontes de chacune des filles ont été collectés hebdomadairement à leur ovulation sur la période de 7 semaines de durée de l'ovulation de la population. Un lot de 20g d'œufs a été isolé par ponte dans du dilueur de gonflement. Les photos de chacun des lots ont été prises le lendemain et exploitées pour recueillir les données quantitatives. Les héritabilités et corrélations génétiques ont été estimées sous VCE (Groeneveld et al., 2010).

**Tableau 6** : Héritabilités (diagonale) des caractères de production (poids et fat) et de ponte et corrélations génétiques (au-dessus de la diagonale) entre ces caractères.

	Poids ind après ponte	Nombre d'œufs	Fécondité relative	Poids ponte	Poids 1 œuf	Poids ponte à poids ind égal (RGS)	Fat
Poids ind	0,43 (0,04)	0,49 (0,04)	-0,29 (0,04)	0,54 (0,03)	0,24 (0,07)	0,06 (0,03)	0,56 (0,07)
Nombre d'œufs		0,47 (0,02)	0,69 (0,03)	0,90 (0,01)	-0,01 (0,06)	0,77 (0,03)	0,27 (0,07)
Fécondité rel			0,47 (0,03)	0,53 (0,04)	-0,21 (0,04)	0,80 (0,02)	-0,15 (0,09)
Poids ponte				0,52 (0,03)	0,43 (0,05)	0,87 (0,01)	0,27 (0,08)
Poids 1 œuf					0,47 (0,05)	0,36 (0,03)	0,06 (0,09)
RGS						0,53 (0,04)	-0,01 (0,09)
Fat							0,49 (0,06)

Ce travail a permis d'estimer l'héritabilité des caractères de ponte (taille des œufs, nombre d'œufs, fécondité relative ...) et leurs corrélations génétiques avec les caractères de production comme le poids ou la teneur en lipides des filets estimée indirectement par micro-ondes. Globalement, les héritabilités estimées sont de valeur intermédiaire ( $> 0,45$ ), la fécondité relative étant négativement corrélées avec le poids et la taille d'un œuf. Ce premier traitement a montré la faisabilité de l'utilisation en routine de la vision numérique pour estimer les caractéristiques des œufs et les performances de ponte chez la truite. Il confirme l'opposition entre les caractères de croissance et les caractères de ponte (ici fécondité relative) mise en évidence aussi chez les autres espèces domestiques.

### b - Phénotypage de caractères de reproduction

Le monosexage femelle est une méthode souvent mise en œuvre en France, principalement chez les salmonidés par contrôle génétique et hormonale chez les parents ou chez le bar par contrôle de la température en condition froide durant l'élevage larvaire. Cette pratique permet d'augmenter le ratio de femelles dont la croissance est plus rapide. En 2017, le SYSAAF a participé au projet NéoBio, coordonné par l'INRA, dont l'objectif est de tester la capacité à produire des mâles phénotypiques à partir de populations monosexes femelles par contrôle thermique chaud lors de l'alevinage chez la truite. Dans ce projet, une entreprise de sélection « Les Fils de Charles Murgat » a produit des



familles de truite et qui ont été soumises à 2 traitements thermiques en alevinage. Les familles produites en 2017 devraient être phénotypées en 2018 pour estimer l'effet moyen du traitement féminisant, mais aussi pour estimer l'héritabilité de ce caractère et tenter d'identifier des zones du génome associées à un taux de féminisation supérieur. Le SYSAAF a participé à la définition du plan de fécondation et a assuré l'appui technique de l'entreprise. Le sexage (phénotypage) des individus (2 x 10000) en 2018 devrait impliquer la caractérisation phénotypique du sexe de ces sujets, certains pouvant présenter des phénotypes sexuels intermédiaires jusqu'à hermaphrodite.

Une deuxième action conduite par le SYSAAF dans ce projet NéoBio a été de recenser la fréquence et les morphotypes de sujets de sexe mâle dans les populations commerciales diploïdes ou triploïdes femelles en grossissement au sein des entreprises adhérentes du SYSAAF. Un questionnaire a été envoyé à chaque entreprise, certaines mettant à disposition des échantillons de plusieurs sites. Le SYSAAF a réalisé des sexages en 2017 sur 3 sites de production. Des échantillons de nageoire ont été collectés pour génotypages avec une puce 57K et rechercher des zones du génome potentiellement associées à ces déviations de sexe ratio. Des séries de sexages complémentaires seront réalisées en 2018, en fonction de la fréquence d'expression de ce caractère.

## **B - Phénotypage des rendements de parage, de la qualité et de la composition de la chair chez la truite**

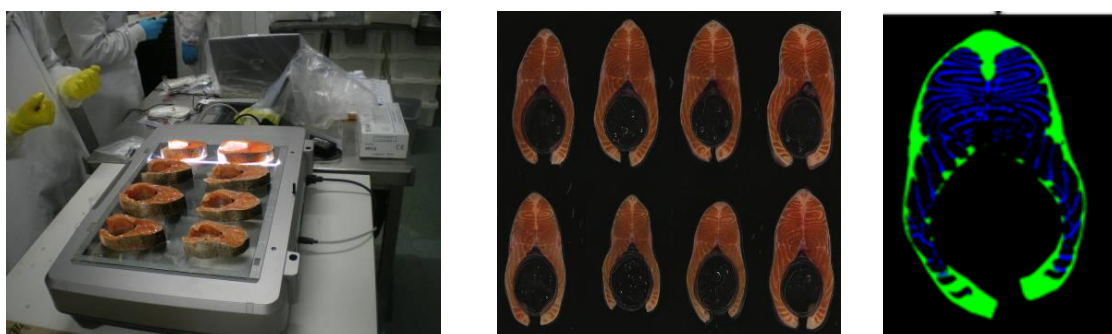
A ce jour, la technologie de parage numérique n'a encore jamais été utilisée pour sélectionner le rendement de parage. De premiers travaux initiaux conduits au SYSAAF dans les années 2000 avaient permis d'identifier des prédicteurs et d'estimer leur héritabilité et leur corrélation génétique avec le caractère à prédire chez la truite par utilisation combinée de la morphométrie externe et de l'échographie (Haffray et al., 2013). Un doublement potentiel de l'héritabilité en utilisant le parage numérique plutôt que le parage manuel et donc des gains potentiels par génération pouvait être escompté. La prédiction non létale des rendements de découpe pourrait donc constituer une alternative pour améliorer l'efficacité de la sélection sur collatéraux. En effet, en étant capable de prédire le rendement de découpe des candidats sans avoir à les tuer pour les découper, il est alors possible d'appliquer des pressions de sélection individuelles plus importantes que les pressions permises en sélection familiale sur apparentés, tout en bénéficiant de la variabilité intra-famille induite par la méiose.

Le transfert de la vision numérique à la filière française pour améliorer le rendement au parage implique néanmoins l'informatisation de l'ensemble de la chaîne de préparation des échantillons ainsi que son organisation pour une saisie rapide, automatisée et simplifiée. Ces éléments sont déterminants pour assurer une collecte fiable et informatisée des informations. D'autre part, les premiers résultats ont été acquis sur une lignée commerciale (Haffray et al., 2010) et la généralisation de sa mise en œuvre à d'autres lignées n'a encore pas été tentée. Enfin, les travaux de recherche ont été conduits sans contrainte réelle de temps pour l'ensemble des traitements et la remise des valeurs génétiques. La mise en œuvre de cette technologie en entreprise implique d'enchaîner en l'espace de 4 mois, la collecte des darnes (1500-2000), leur congélation avec un transpondeur électronique, leur transport sur le site du SYSAAF, leur décongélation pour prise de vue, le traitement des images en système RGB pour extraire les principales grandeurs d'intérêt (collaboration LPGP/INRA), l'assignation de parenté par empreintes génétiques des 1500-2000 individus collatéraux et l'estimation des paramètres génétiques et des valeurs génétiques des candidats indexés sur les performances des collatéraux phénotypés

Afin de valider cette possibilité de prédiction en condition de sélection commerciale (terrain), du rendement au parage par vision numérique chez la truite, une expérimentation a donc été réalisée sur le terrain. Un lot de 1800 collatéraux de l'entreprise de sélection de truite arc-en-ciel les Sources de l'Avance (40, Landes) a été abattu en atelier de découpe (Roquefort) après marquage individuel



des animaux par transpondeur électronique. Un fragment de nageoire a été prélevé individuellement, puis de l'ADN extrait et génotypé par un laboratoire de génotypage (Labogena DNA, Jouy-en-Josas) pour réaliser une assignation de parenté par empreintes génétiques des poissons et ainsi connaître les liens de parenté, indispensable pour quantifier les paramètres génétiques. Les poissons ont été phénotypés aux principaux caractères d'intérêt et une darne a été congelée par individu. Cette darne a été transportée au laboratoire du SYSAAF pour être phénotypée en mettant en œuvre une méthode de vision numérique. Les darnes identifiées ont individuellement prise en photo numérique après décongélation. La qualité des images a ensuite été contrôlée individuellement pour éliminer divers biais de prises de vue (écailles, gapping...) et les principales dimensions exprimant les surfaces relatives de gras de parage ventral et dorsal ont été quantifiées.



**Figure 15** : Système de prise de vue numérique de darnes de truite et d'extraction des principales informations qualitatives de surfaces relatives et de couleur de la chair.

**Tableau 7** : Héritabilité (diagonale) du poids, du rendement en carcasse éviscérée et étêtée, du rendement au parage numérique, de la couleur rouge de la chair de la darne (a\*) du poids des animaux sélectionnés et du rapport échographique e8/e23 des candidats (données propriété des Sources de l'Avance, SYSAAF).

	DP_DEC	DPCEE*	DSTADIP*	DA*CHAIR	SP	SE8_E23
DP_DEC	<b>0,21 ± 0,01</b>	0,16 ± 0,15	0,09 ± 0,09	0,35 ± 0,12	<b>0,73 ± 0,05</b>	-0,16 ± 0,07
DPCEE*		<b>0,38 ± 0,03</b>	0,26 ± 0,09	0,33 ± 0,11	0,15 ± 0,11	<b>0,45 ± 0,07</b>
DSTADIP*			<b>0,36 ± 0,04</b>	<b>0,55 ± 0,04</b>	-0,09 ± 0,11	<b>0,47 ± 0,08</b>
DA*CHAIR				<b>0,22 ± 0,03</b>	0,21 ± 0,11	0,28 ± 0,09
SP					<b>0,30 ± 0,02</b>	-0,08 ± 0,08
SE8_E23						<b>0,36 ± 0,03</b>

Après assignation de parenté, l'établissement des pedigrees a permis d'estimer les paramètres génétiques de ces caractères et leurs corrélations avec les caractères de production selon un modèle animal linéaire mixte sous VCE (Groeneveld et al., 2010). L'héritabilité du poids était de 0,21, celle du poids de la carcasse éviscérée étêtée de 0,38 et celle du rendement au parage estimé après numérisation de 0,36. Ce traitement de données a permis d'estimer une héritabilité du rendement de parage intermédiaire, comparable à celle de 0,33 estimée antérieurement dans des conditions





expérimentales de laboratoire (Haffray et al., 2007). Ce résultat positif motive aujourd'hui l'introduction de ce nouveau caractère dans les schémas de sélection commerciaux.

En complément du rendement parage nous avons également estimé les paramètres génétiques de la couleur de la chair par vision numérique en conditions commerciales. En effet, la typologie de la qualité de la chair ou des darnes par vision numérique a fait l'objet de travaux préliminaires de développement en partenariat entre le SYSAAF, l'INRA et l'IRSTEA et de premiers résultats de faisabilité ont été publiés par le SYSAAF sur la truite commune (Marty-Mahe et al., 2004). Une approche concurrente rapporte le même genre de développement en Finlande et de premières estimations de paramètres génétiques (Kause et al., 2008; Stien et al., 2006).

Comme précédemment, l'établissement des pedigrees après assignation de parenté, a permis d'estimer les paramètres génétiques de ces nouveaux caractères et leurs corrélations avec les caractères de production selon un modèle animal linéaire mixte sous VCE (Groeneveld et al., 2010). Ceux-ci sont présentés dans le tableau 1. La composition de la chair inclue aussi celle de la composition en différents acides gras dont il a été montré la composition est héritable chez le saumon et le tilapia. D'autres approches sont en cours pour de nouveaux caractères et la prédiction de la teneur en acides gras poly-insaturés par spectrométrie vibrationnelle de type Raman chez la truite, est l'objectif du projet Oméga-Truite.

### **C - Phénotypage de caractères de résistance aux pathologies**

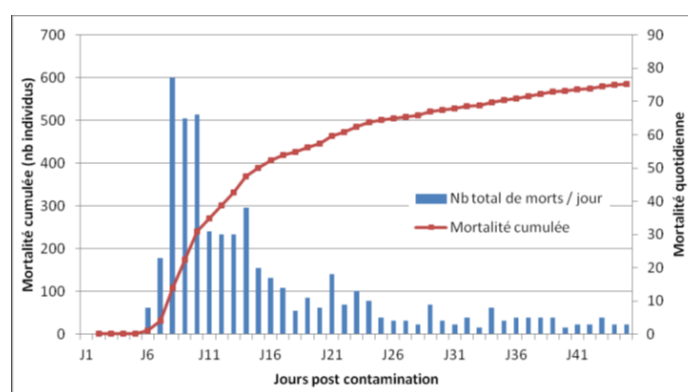
Les espèces aquacoles sont majoritairement élevées en milieu ouvert et soumises à de nombreux pathogènes présent dans le milieu naturel. Par contre, leur petite taille permet d'envisager la réalisation de challenges contrôlés à des pathogènes en milieu confiné pour un nombre important de collatéraux (1200 à 1500 par génération ou cohorte); stratégie qu'il est malheureusement impossible d'envisager chez les espèces domestiques terrestres, y compris chez les volailles. Ces spécificités font qu'il est possible d'envisager la sélection de sujets plus résistants à divers pathogènes afin d'améliorer la rentabilité des élevages en réduisant les mortalités et en améliorant indirectement la croissance. La sélection de sujets plus résistants contribuera également à limiter le recours à l'antibiothérapie génératrice de phénomènes d'antibiorésistances potentiellement problématiques pour l'Homme et conforter en cela la démarche mise en œuvre dans les plans écoantibio successifs. Enfin, elle devrait aussi permettre d'améliorer l'efficacité écologique de la production par une meilleure valorisation des intrants, en particulier l'aliment, principal facteur d'impact écologique.

A cette fin, il est nécessaire de mettre au point un challenge adapté pour chacune des maladies d'intérêt (SHV et IPN de la truite, VNN et vibriose à *Vibrio harveyi* du bar, pasteurellose de la daurade). Il doit aussi être optimisé pour des effectifs suffisants, nécessaire à la réalisation d'une évaluation génétique, c'est-à-dire de l'ordre de 1000 à 2000 collatéraux. Cette mise au point implique la culture d'un volume minimum de pathogène assez conséquent mais aussi des pré-tests infectieux par immersion (bain) ou par injection avant d'initier les challenges afin de préciser le nombre de bactéries ou virus à injecter ou leur concentration dans le bain infectieux. Des modalités qu'il est nécessaire de tester avant chaque challenge. En fait, idéalement ce challenge pour être informatif doit permettre d'obtenir un taux de mortalité compris entre 30 et 70 %, afin de pouvoir classer précisément les différentes familles testées (Chapuis et al., 2010). Néanmoins, différents facteurs peuvent limiter l'efficacité des challenges qui peuvent être inefficaces ou inversement induire un taux de mortalité trop élevé. Parmi ceux-ci, la virulence du pathogène, mais aussi la taille optimale des poissons ; le système immunitaire inné pouvant ne pas être mature ou les animaux trop gros lors de l'infection. Le poids au challenge avec des lots hétérogènes peut également être une source de biais potentiels impliquant la nécessité de connaître le poids individuel de chaque individu et son marquage par transpondeur afin de corriger la performance par l'effet du poids. Ces aspects constituent des inconnus comme celle de l'héritabilité du caractère, ainsi que celle du



niveau de résistance spécifique de chacune des lignées commerciales et de la variabilité interindividuelle.

Afin de répondre aux normes d'éthique et de respect du bien-être en élevage, le SYSAAF a initié une démarche collective et c'est rapproché de l'ANSES pour conduire des challenges en conditions confinées avec son laboratoire de référence national pour les pathologies des poissons. Une jeune ingénieure a été embauchée par le SYSAAF et mise à disposition de l'ANSES dans le cadre d'un accord-cadre entre l'ANSES et le SYSAAF pour mettre en place une plate-forme d'infectiologie expérimentale pour la sélection génétique des espèces piscicoles (Fortior-Genetics). Plusieurs tests de challenges contrôlés ont été réalisés en 2017 chez la truite, le bar et la daurade pour valider la démarche visant à quantifier leurs résistances à la flavobactériose, à l'IPN et à la SHV (truite) au VNN et à la vibriose (bar) et à la pasteurellose (daurade). La flavobactériose n'étant pas une pathologie règlementée et normalement présente en élevage, des tests consistant à suivre des épisodes épidémiologiques spontanés ont également été conduits en milieu de production pour ce pathogène.



**Figure 16** : Unité de challenge pathologique contrôlé en milieu confiné à l'ANSES (Agrément national pour l'expérimentation C 29-212-3) et exemple réponse à un challenge au VNN chez le bar en nombre de morts par jours après infection par injection au VNN chez le bar.

**Tableau 8** : Héritabilités de la résistance en réponse à différents pathogènes chez la truite, le bar et la daurade.

Espèce	Pathogène	Challenge	Morta	Effectif	Nb parents	h2 survie fin challenge
Bar	VNN	ANSES	60 %	1231	19 ♀ x 38 ♂	0.13 ± 0.08 TM
	Vibrio	ANSES	42 %	1200	19 ♀ x 38 ♂	0.22 ± 0.09 TM
Truite	Flavo1	Pisciculture	76,6 %	2000	70 ♀ x 99 ♂	0.27 ± 0.04
Truite	Entérite	Pisciculture	23,2 %	2000	76 ♀ x 99 ♂	0.42 ± 0.04 TM
Truite	Flavo2	Pisciculture	38%	1140	30 ♀ x 40 ♂	0,27 ± 0,06 TM
Truite	Flavo1	Pisciculture	44 %	2000	84 ♀ x 100 ♂	0.43 ± 0.05 TM
Truite	Flavo2	Pisciculture	27,1 %	2000	86 ♀ x 100 ♂	0.35 ± 0.04 TM
Daurade	Pasteurella	ANSES	36 %	1643	24 ♀ x 80 ♂	0,09 ± 0,04 TM
Bar	VNN	ANSES	42,8 %	1212	13 ♀ x 33 ♂	0,23 ± 0,09 TM
Bar	Vibrio	ANSES	37 %	758	13 ♀ x 33 ♂	0,13 ± 0,07 TM



Lors de chaque challenge, les collatéraux sont soumis au pathogène d'intérêt pour l'espèce considérée. Les poissons morts sont collectés 2 fois par jour pour éviter une dégradation de l'ADN préjudiciable à l'identification des pedigrees après assignation de parenté par empreintes génétiques. Les collatéraux morts et vivants ont été assignés à leurs parents et les héritabilités ont été estimées en utilisant un modèle à seuil TM (Foulley and Manfredi, 1992).

Pour la plupart des challenges réalisés, des héritabilités intermédiaires ont été estimées confirmant la possibilité de générer des gains de résistance aux diverses pathologies par sélection génétique en mettant en œuvre les dispositifs d'évaluation génétique en familles mélangées. Certains travaux ont déjà donné lieu à publication comme celles sur la résistance au VNN chez le bar (Doan et al., 2017; Palaiokostas et al., 2017) ou à la pasteurelle chez la daurade et la possibilité de sélection génomique chez ces espèces (Aslam et al., 2017; Palaiokostas et al., 2017). En parallèle deux challenges à *Vibrio peaeicidae* et à *Vibrio nigripulchritudo* ont été réalisés chez la crevette de Nouvelle Calédonie mais les héritabilités estimées n'étaient pas significativement différentes de zéro (rapport final du projet StyliSNIP en cours de rédaction).

#### **D - Phénotypage de caractères comportementaux et de l'efficacité alimentaire chez les volailles**

Le coût de l'aliment, dans les productions avicoles, représente autour de 70% des coûts de production. De ce fait, l'efficacité alimentaire des volailles est le critère principal de rentabilité en production. Au niveau des lignées/populations pures de volailles, cette efficacité est un des critères de sélection les plus importants notamment dans les filières viandes. L'amélioration de l'efficacité alimentaire par la voie génétique nécessite d'enregistrer, individuellement pour chaque animal, la consommation alimentaire ainsi que le poids vif. En production, le fait de travailler sur un effectif important d'animaux ne permet pas d'avoir accès à ces deux informations individuellement. En sélection, le fait que l'enregistrement de ces données nécessite de mettre les animaux dans des cages individuelles, limite considérablement les effectifs que l'on peut mettre en test et néglige l'influence des interactions sociales sur ce caractère.

Le projet EvaHD a pour objectif de répondre à cette problématique en développant un dispositif de mangeoire automatique permettant d'enregistrer, en temps réel, le poids vif et la consommation alimentaire individuels de chaque animal qui sollicite ce dispositif. L'originalité de cette mangeoire automatique, par rapport aux dispositifs qui existent déjà, est qu'elle n'est pas basée sur un système de couloir isolant les animaux qui la sollicitent, mais qu'elle est circulaire et accessible à tous comme en élevage ce qui permet d'observer, en plus de l'efficacité alimentaire, le comportement alimentaire des animaux ainsi que l'interaction sociale entre eux.

Ce projet est mené en partenariat avec l'INRA et l'ITAVI. Le rôle du SYSAAF dans ce consortium est variable en fonction des actions menées dans ce projet. Dans la première action (Coordination technique et valorisation), le SYSAAF a participé à l'élaboration du cahier des charges du dispositif. Dans le cadre de l'action 2 (Mise au point technique du dispositif), le SYSAAF a activement participé aux essais expérimentaux visant à valider le dispositif (prototype) après assemblage. L'action 3 (Mise à l'épreuve du prototype pour la sélection génétique et l'alimentation) sera pilotée par le SYSAAF. Dans le cadre de cette action, un essai sur un effectif important d'animaux et dans des conditions proches du terrain sera réalisé. En plus du pilotage de cette action, le SYSAAF prendra en charge la réalisation d'une partie des analyses génétiques des données de l'essai. Ces analyses viseront la modélisation des courbes de croissance et d'efficacité alimentaire des animaux testés sur le dispositif en vue d'analyser la faisabilité d'une sélection génétique directe sur ces courbes et leurs paramètres.





### 3-3 Création de ressources génomiques et/ou d'outils de génotypage chez les espèces des filières avicoles et aquacoles

(Thématiques 1 & 2, Objectif opérationnel 4)

Dans une démarche à long terme, le SYSAAF a mis en œuvre une démarche de caractérisation de ressources génomiques chez les différentes populations des espèces présentes chez nos adhérents pour lesquelles elles ne sont pas disponibles, en mettant en œuvre des stratégies appropriées tenant compte des possibles mises en application ultérieure, avec deux grands axes correspondant aux 2 thématiques du SYSAAF.

#### 3-3-1 Pour caractériser, gérer et préserver le patrimoine génétique (Axe 2A)

(Thématiques 1 & 2)

##### A - Objectifs

Une des missions du SYSAAF concerne la gestion et la préservation du patrimoine génétique des populations des espèces avicoles et aquacoles. Pour mener à bien cette mission, la caractérisation de ce patrimoine génétique est préalable indispensable afin d'apprécier la diversité génétique intra population, inter population et d'adapter en conséquence leur gestion. Un objectif du SYSAAF est donc de caractériser la diversité génétique inter et/ou intra population sur la base d'informations génomiques chez des espèces avicoles et aquacoles via plusieurs programmes de recherche, pour la truite arc-en-ciel (57K-Truite), l'ormeau (GenOrmeau), la crevette bleue de Nouvelle Calédonie (StyliSNP) la palourde japonaise (Vivaldi). La gestion et la préservation de la diversité génétique répond à plusieurs objectifs : une gestion raisonnée des accouplements garantit la conservation de la variabilité génétique, nécessaire dans les populations sélectionnées pour réaliser du progrès génétique. Dans les populations en conservation, la gestion des accouplements permet malgré le nombre restreint de reproducteurs de limiter l'augmentation de la consanguinité. En aquaculture, le recours à des plans de fécondation de type semi-factoriel maximise la conservation de la variabilité génétique. En espèces avicoles, la gestion du patrimoine génétique via le contrôle des accouplements repose dans la plupart des espèces sur l'utilisation d'inséminations artificielles et le recours à des cages individuelles pendant la période de ponte. Compte-tenu de l'évolution des attentes de la société en matière de bien-être animal, ces pratiques et modes d'élevage risquent d'être remis en cause au niveau des sélectionneurs. Un enjeu pour le SYSAAF est d'anticiper cette évolution en mettant au point des panels SNP d'assignation de parenté, notamment pour la poule (RefGenDivA), le faisan (FaiSigne), l'oie (SNPoie), et le canard (CanArray). De tels outils moléculaires existent déjà pour des espèces aquacoles (truite, bar, daurade), mais les marqueurs utilisés pour le développement (les microsatellites) sont aujourd'hui proches de l'obsolescence, et il faut prévoir de les remplacer par des marqueurs de nouvelle génération, les SNP. Chez les espèces aquacoles, des panels sont en cours de développement chez l'ormeau (GénOrmeau), la crevette bleue (StyliSNIP), la truite (57K), le maigre et l'huître creuse. Des projets de développement sont envisagés sur la palourde japonaise (Vivaldi), le bar et la daurade (GénéSea), mais aussi le turbot. Le développement de ces outils repose sur l'identification de ressources génomiques, le choix de marqueurs présentant les caractéristiques optimales (déséquilibre de liaison, variabilité génétique, fréquence des allèles dans les populations d'intérêt, taux d'allèles nuls...), le choix du laboratoire de génotypage en routine et la validation de leur puissance d'assignation. La préservation du patrimoine génétique a également pour objectif de garantir la pureté de populations domestiques ou sauvages. Le SYSAAF répond à cet objectif avec le développement d'un panel pour la détection d'hybridation entre la caille des blés et la caille japonaise (hybridation caille).



## B - Etat de l'art

### a - Caractérisation des populations

La caractérisation de populations peut être réalisée sur la base de marqueurs génétiques en calculant différents indicateurs, principalement basés sur la fréquence des allèles (différentes versions d'une même position du génome), des génotypes (résultat de l'observation de la combinaison de 2 allèles à un marqueur SNP), la proportion de régions polymorphes (variables) du génome (Toro et al. 2009). Des études de diversité génétique ont déjà été réalisées dans différentes espèces, montrant notamment que par rapport au pedigree les marqueurs SNP permettent d'observer la localisation des zones plus ou moins diverses dans le génome. Cette connaissance permet de conserver les individus originaux pour certaines régions chromosomiques, ce niveau de connaissance sur la diversité ne pouvant être atteint avec la seule connaissance du pedigree (Engelsma et al. 2012). Les études de diversité peuvent être réalisées avec des nombres élevés de marqueurs, par exemple 50K SNP utilisés sur des vaches de race Holstein (Engelsma et al. 2012), 50K SNP chez le mouton (Prieur et al. 2017), mais également avec des panels de SNP de petite taille : 64 SNP chez le poulet (Viale et al. 2017) ou différentes espèces aquacoles telles que la truite (Liu et al., 2015). Il est donc possible de caractériser la diversité génétique de populations sur la base de marqueurs SNP, et ce même avec une faible densité de marqueurs. Chez la truite arc-en-ciel, une puce 57K SNP est disponible, mais aucune étude de caractérisation génétique des populations sélectionnées en France n'a encore été réalisée. Chez l'huitre creuse, un premier panel a été développé par le SYSAAF en collaboration avec Ifremer (Lapegue et al., 2014) mais des taux d'assignation variables ont été rapportés laissant supposer l'existence d'allèles nuls très fréquents chez les mollusques. Chez l'ormeau, des marqueurs microsatellites avaient été développés dans un projet précédent, mais en raison du taux de mutation du génome élevé observé chez les mollusques ces marqueurs deviennent inutilisables au bout de quelques générations. Il devient donc indispensable de les remplacer par des marqueurs SNP pour accéder aux indicateurs de variabilité génétique de cette espèce. Chez la crevette bleue de Nouvelle Calédonie aucun marqueur SNP n'est disponible et la variabilité limitée de la population avec 3-4 fondateurs supposés il y a une soixantaine de générations (Goyard et al., 2003) laisse craindre une certaine difficulté à identifier des marqueurs variables de qualité suffisante.

### b - Assignation de parenté

L'assignation de parenté consiste à reconstituer le pedigree dans une population sur la base de marqueurs moléculaires. Dans plusieurs espèces, les assignations de parenté ont été développées en se basant sur des marqueurs microsatellites, caractérisés par la variabilité du nombre de répétitions d'un motif d'ADN. Les panels initialement mis au point chez la truite, le bar et la daurade avec cette technologie permettent d'atteindre des taux d'assignation proche de 100% (Vandeputte & Haffray 2014). Pour les développements des panels d'assignation les plus récents, ce sont les marqueurs SNP qui sont préférés, avec des panels de petites taille permettant d'atteindre de très bons taux d'assignation : 192 SNP utilisés chez le mouton pour un taux d'assignation de 95% (Tortereau et al. 2017), 48 SNP utilisés chez la truite pour un taux d'assignation de 98% (Liu et al. 2016). La sélection et la conservation de différentes espèces pourraient bénéficier de ce type d'outil : poule, faisan, oie, canard, crevette bleue, ormeau, palourde japonaise, huitre creuse, truite, bar, daurade, turbot, maigre. Pour ces espèces caractérisées par des individus ayant une faible valeur monétaire (par opposition aux animaux des filières ruminant notamment), le coût de l'analyse d'assignation doit être très faible pour permettre son utilisation en routine sur un large nombre de reproducteurs et de descendants, et il est donc crucial de maximiser le taux d'assignation avec le nombre de SNP le plus faible possible. La mise au point de ces outils nécessite donc un investissement en R&D afin d'optimiser le choix des marqueurs et les méthodes d'analyse.



### c - Hybridation interspécifique

Chez la caille, l'hybridation entre caille des blés et caille japonaise a été étudiée sur la base de marqueurs microsatellites (Chazara et al. 2010). Ces travaux permettent de détecter le statut hybride ou non d'un individu, mais le nombre de marqueurs microsatellites n'est pas suffisant pour estimer finement le taux d'hybridation. Des travaux réalisés chez les bovins ont permis de montrer que l'estimation précise du taux d'hybridation entre 2 races pouvait être réalisée avec 40K marqueurs SNP, et que pour la détection fine de l'hybridation (c'est-à-dire, des SNP avec des allèles différemment fixés dans chacune des 2 races), il était possible de restreindre le nombre de SNP à 96, voir 48 marqueurs. Des travaux R&D sont donc nécessaires pour identifier un jeu de marqueurs SNP pertinents pour la détection d'hybride et l'estimation du taux d'hybridation, et pour optimiser le panel de façon à rendre accessible cet outil génomique.

## C - Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques

### a - Caractérisation des populations

Pour la caractérisation des populations françaises de truite, l'obtention de génotypage SNP est permise par l'existence d'une puce 57K marqueurs développée pour cette espèce (Palti et al. 2014). Cette puce a été partiellement validée sur une population expérimentale INRA, mais aucun individu de lignées commerciales n'avait été génotypé sur cette puce. Compte-tenu des différences de structuration du génome entre les populations de truites américaines et françaises, et de l'histoire évolutive du génome de la truite (duplication), les travaux déjà publiés sur cette puce sur les populations américaines ne garantissaient pas que l'outil de génotypage soit complètement utilisable sur les lignées françaises. Il était donc nécessaire de génotyper des individus de populations commerciales françaises afin dans un 1er temps de s'assurer de la pertinence et de l'informativité des marqueurs, et dans un 2nd temps de caractériser les populations à partir des marqueurs exploitables. Dans le cas de l'ormeau, les marqueurs microsatellites existants ne sont plus utilisables à cause du taux de mutation élevé dans cette espèce. Aucune ressource SNP n'étant disponible, des travaux de R&D devaient être engagés afin de générer des marqueurs SNP à partir des données RNA-seq publiées (Harney et al. 2016), et parmi les SNP obtenus d'identifier les marqueurs adaptés pour caractériser la structure des populations d'ormeaux. Chez la crevette le développement de marqueurs SNP était également indispensable, avec comme incertitude scientifique la variabilité du génome, supposée très limitée (Goyard et al., 2003), et donc peu favorable au design d'amorces stables pour des marqueurs SNP. Chez l'huître creuse les premiers taux d'assignation variables avec le panel développé avec Ifremer nécessite une validation à plus large échelle et dans des conditions d'élevage mieux maîtrisées pour éviter d'éventuels problèmes de traçabilité (Lapegue et al., 2014)

### b - Assignation de parenté

Pour les espèces concernées par le développement de panels d'assignation de parenté SNP (poule, faisan, oie, canard commun et canarde de barbarie, crevette, ormeau, palourde, huître creuse, truite, bar, daurade, maigre, turbot), un enjeu majeur de la R&D engagée est l'obtention de taux d'assignation élevés (supérieur à 95%) avec le nombre le plus restreint possible de marqueurs afin que le coût de l'analyse permette l'utilisation en routine des assignations de parenté. Il a été montré dans une population de truite d'un sélectionneur concurrent que moins de 50 SNP pouvaient être utilisés (Liu et al. 2016), mais la structuration des populations de truites françaises diffère de celle déjà étudiée. Par ailleurs, le SYSAAF vise à développer des outils communs intra espèce afin de mutualiser les coûts de développements et d'utilisation des outils entre les sélectionneurs adhérents. Les panels d'assignation crevette, truite, bar, daurade, huître creuse, oie, canard et poule se trouvent dans ce cas de figure, or l'optimisation de tels panels requiert généralement plus de marqueurs SNP (192 SNP utilisés chez le mouton pour de l'assignation dans 30 races françaises, Tortereau et al. 2017 ; 196 marqueurs chez l'huître creuse (Lapegue et al., 2014).





Dans le cas de la poule, le panel sera mis au point avec le 2nd objectif de réaliser des assignations à la race. Dans un contexte d'assignation de parenté, les marqueurs les plus informatifs ont une fréquence de l'allèle mineur (MAF) autour de 0,5, tandis que dans un contexte d'assignation à la race les marqueurs doivent être fixés ou proches de la fixation (MAF proche de 0). Pour lever ce verrou, une méthodologie de choix des marqueurs développée spécifiquement pour ce projet sera mise en œuvre. Il faut noter également que si des outils de génotypage haut débit sont en voie de développement pour le canard, la truite, le bar et la daurade, de tels outils n'existent pas pour l'ormeau, la palourde, la crevette, l'oie et le faisan, et un verrou à lever dans ces espèces sera la mise au point de marqueurs SNP.

### **c - Hybridation interspécifique**

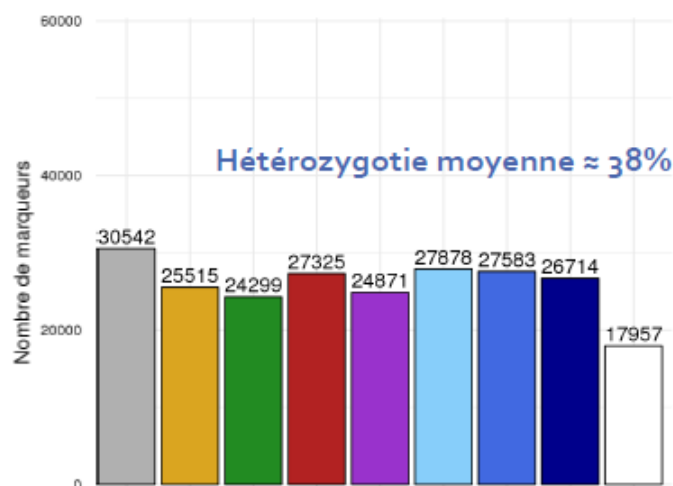
Pour le développement du panel d'hybridation chez la caille, l'INRA dispose de données de séquence obtenues sur 20 cailles japonaises, et sur seulement 2 cailles des blés. L'objectif étant d'identifier des marqueurs spécifiques des 2 espèces de cailles, le faible nombre de séquence de caille des blés risquerait de conduire au choix de SNP fixés chez la caille japonaise, mais incomplètement fixés chez la caille des blés. Pour pallier à ce problème, il a été prévu de tester les SNP sur un panel beaucoup plus large de cailles japonaises et de cailles des blés, afin de ne retenir in fine que les SNP effectivement fixés différemment dans les 2 espèces.

## **D - Travaux R&D réalisés, démarche expérimentale**

### **a - Caractérisation des populations**

La caractérisation des populations de truites a été réalisée dans le cadre du projet 57K-Truite, financé par FranceAgriMer, et associant l'INRA et le SYSAAF et dans le cadre de la thèse CIFRE de Jonathan d'Ambrosio. Entre 21 et 48 truites par population ont été génotypées sur la puce Axiom ThermoFisher 57K dans 4 lignées commerciales de sélectionneurs (Viviers de Sarrance, Bretagne Truite, Sources de l'Avance, Murgat) et dans 3 lignées expérimentales INRA. Ces génotypages étaient les 1ers obtenus sur des truites françaises, et ont nécessité la réalisation de plusieurs étapes de tri afin d'identifier les SNP de la puce exploitables dans ces lignées : suppression des SNP dupliqués (détectés par alignement des séquences des amorces sur le génome de la truite), suppression des SNP pour lesquels les 3 combinaisons possibles d'allèles ne sont pas correctement discriminées, suppression des SNP ayant un polymorphisme des amorces, et finalement tri sur le taux de réussite de typage des SNP, sur la fréquence d'allèle minimum et sur l'équilibre d'Hardy-Weinberg. A l'issue de ces contrôles, 38K marqueurs ont été conservés. Il faut noter ici qu'aucun des travaux publiés sur cette puce n'avait fait état du polymorphisme d'amorces, qui a pu être détecté dans nos travaux par l'utilisation du logiciel AxiomAnalysisSuite et par des échanges réguliers avec les ingénieurs du groupe ThermoFisher. Les populations ont ensuite été comparées sur la base des 38K marqueurs validés : pourcentage d'hétérozygotie, coefficient de fixation, analyse en composantes principales, persistance du déséquilibre de liaison, taille efficace de la population. Ces analyses ont permis de mettre en évidence que la diversité génétique avait fortement diminué dans les populations de truite depuis le début de la sélection, mais que le niveau de diversité restait bon (environ 38% d'hétérozygotie, Figure 4). Les résultats de l'analyse en composantes principales étaient cohérents avec l'histoire des populations : les populations proches sur l'ACP (Figure 5) partageaient des ancêtres communs récents, et la population la plus éloignée des autres était celle se reproduisant avec un noyau fermé depuis un plus grand nombre de générations. Par ailleurs, il a été mis en évidence que l'hétérozygotie était plus faible sur les chromosomes impliqués dans le déterminisme de la croissance, critère sur lesquels les premières générations de truites ont été le plus sélectionnées. Ces travaux ont donc mis en évidence une perte de diversité locale due à la sélection pour la croissance.

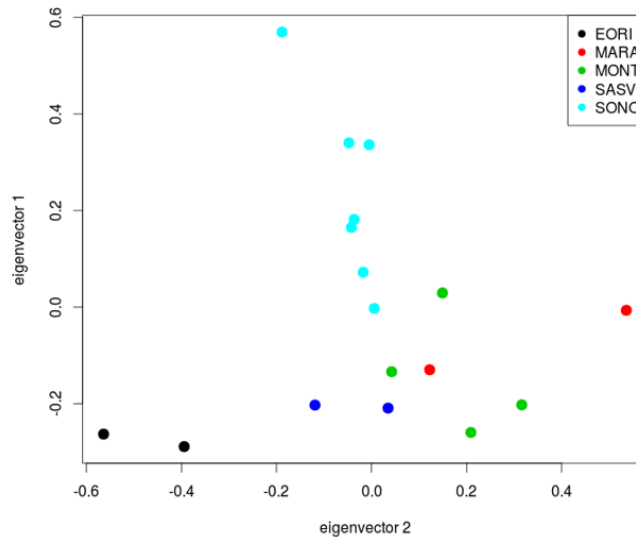




**Figure 17** : Hétérozygotie moyenne des populations de truites françaises (1 couleur : 1 lignée)

Pour l'étude de la diversité chez l'ormeau (GenOrmeau, financé par le FEAMP), 500 marqueurs SNP potentiels ont été identifiés à partir de données transcriptomiques. Sur ces 500 marqueurs, 318 ont pu être génotypés sur 7 familles élevées séparément par l'écloserie France Halotis pour la phase de validation. Les 318 marqueurs obtenus ont été triés pour leur qualité (taux de génotypage, transmission mendélienne des allèles entre des parents et des descendants dans 5 familles). L'analyse de la diversité génétique sur la base de ces marqueurs de qualité est en cours (Harney et al., 2018). Chez la crevette (StyliSNP), financé par la Province Nord et par la Province Sud de la Nouvelle Calédonie), les échantillons ont été fournis par 4 écloseries, et des échantillons de crevettes sauvages ont été inclus dans l'analyse. La découverte des SNP a été réalisée grâce à une collaboration avec le CNRS de Sète. Les ADN ont été analysés en pool, en rassemblant les échantillons par origine (différentes écloseries ou milieu de prélèvement pour les crevettes sauvages) et par sexe. Après séquençage sur le séquenceur Illumina HiSeq 2000, les analyses bio-informatiques ont produits 820 SNP répartis sur 516 loci (positions dans le génome). Les filtres appliqués pour obtenir ces 820 SNP ont porté sur le taux de séquençage des marqueurs dans les différents pools, sur la fréquence de l'allèle mineur, et sur la longueur des séquences de part et d'autres des SNP (au moins 30 paires de bases pour faciliter le design d'amorces par la suite). Une analyse en composantes principales a été réalisée sur ces SNP pour caractériser les populations : le 1er axe permet de distinguer les échantillons de crevettes sauvages (Figure , en bleu clair) des échantillons fournis par les écloseries, tandis que les axes 2 et 3 permettent de distinguer les écloseries entre elles. Le niveau de variabilité des marqueurs était similaire entre populations sauvages et populations d'écloserie, mais les marqueurs ayant été filtrés sur leur variabilité dans les populations d'écloseries ce résultat était attendu (Enez et al. 2018).

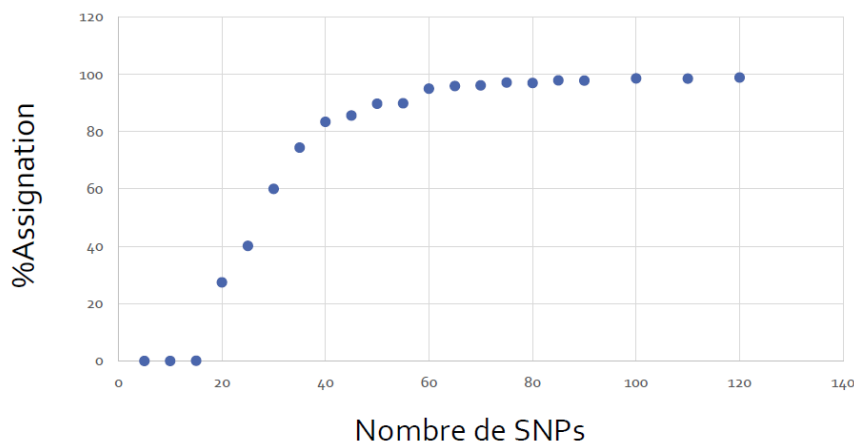




**Figure 18** : Analyse en composantes principales de la diversité allélique des pools de crevettes bleues

### b - Assignment de parenté

Pour le développement de panels d'assignation de parenté, les espèces ne disposant pas d'outil de génotypage à haut débit ont bénéficié d'une étape de développement de ressources SNP. Les espèces concernées sont la crevette bleue (Enez et al. 2018), le faisan (2 espèces : faisan de colchide et faisan vénéré), l'oie, l'orveau (Harney et al. 2018), le turbot, le maigre et la palourde. Pour la crevette et pour l'orveau, les ressources SNP développées et utilisées étaient les mêmes que celles produites pour la caractérisation des populations (cf. paragraphe précédent). Chez la crevette (StyliSNP), 231 SNP choisis parmi ceux identifiés avec le CNRS ont été génotypés sur des familles de pedigree connu. Des SNP se sont révélés inutilisables (génotypage ne donnant pas de résultat, SNP monomorphes, allèles incompatibles entre parents et descendants) : 171 SNP ont été validés pour le test d'assignations de parenté dans 9 familles de 10 produits chacune. L'assignation a été réalisée par exclusion, et le taux d'assignation des descendants aux bons couples de parents était de 98,89%. Chez l'orveau, 123 marqueurs SNP ont été retenus pour l'assignation après application de filtres sur la MAF (> 10%), sur le call rate (> 90%) et sur l'absence d'erreurs de ségrégation mendélienne. Des assignations de parenté ont été réalisées avec 2 méthodes (par exclusion et par maximum de vraisemblance), qui ont donné un très bon taux d'assignation : 98,9%. L'objectif étant de produire un panel de 96 marqueurs, des SNP ont été supprimés in silico, soit aléatoirement, soit sur la base de l'informativité des marqueurs (MAF, hétérozygotie), et il a été démontré que 60 SNP permettraient d'atteindre un taux d'assignation de 95% (Figure 6) (Harney et al., 2018).



**Figure 19** : Taux d'assignation de parenté obtenu chez l'orveau en fonction du nombre de SNP utilisés





Chez l’huitre creuse, 187 marqueurs SNP avaient été génotypés sur 4 familles dans le cadre du programme GigADN. L’objectif est l’amélioration de ce panel, en le complétant par des marqueurs liés à des caractères de résistance aux maladies. Le test de la puce SNP mixte huitre plate et huitre creuse est en cours dans le cadre du programme Vivaldi en collaboration avec l’Ifremer, afin de valider des SNP sur les populations françaises et de les valoriser ensuite pour de l’assignation de parenté. A cette fin des génotypages ont été réalisés sur 12 familles d’huitres creuses de pedigree connu et sont en cours d’analyse. Les 1ers résultats montrent que 10% des marqueurs de l’huitre creuse présentent des erreurs de transmission mendélienne. Pour le faisan (FaiSigne, financement par le sélectionneur et par AgenAvi) et pour l’oie (SNPoie, financement par les sélectionneurs), les SNP ont été développés grâce à une collaboration avec le CNRS, avec une démarche similaire à celle décrite pour la crevette. Des échantillons issus de 5 populations de faisans ont été fournis par le sélectionneur Gen’Ethic, et le séquençage suivi de filtres sur la qualité a permis de générer 5288 marqueurs SNP chez le faisan de colchide, et 2354 marqueurs SNP chez le faisan vénéré. Chez l’oie, les échantillons provenaient de 7 lignées, fournies par Orvia Gourmaud Sélection et par Grimaud Frères Sélection. Une liste finale de 2962 SNP a été produite. Chez le faisan et chez l’oie, des prélèvements de trios père, mère et descendants sont en cours afin de tester quelques centaines de marqueurs SNP et d’identifier parmi ces marqueurs un set restreint pour les assignations de parenté. Chez la truite, le développement d’un panel d’assignation de parenté SNP est en cours dans le cadre de 57K-Truite, en collaboration avec l’INRA. Les SNP seront choisis parmi ceux disponibles sur la puce 57K, sur des parents et des descendants fournis par les sélectionneurs de truite (Bretagne Truite, Viviers de Sarrance, Source de l’Avance, Murgat) et par l’INRA. Chez le canard, le bar et la daurade, le développement d’outil d’assignations de parenté est prévu dans les projets CanArray (collaboration avec l’INRA) et GeneSea, en marge du développement de puces de génotypages pour le canard commun et le canard de barbarie, pour le bar, et pour la daurade. Les SNP pour les panels d’assignation seront choisis parmi les marqueurs des puces développées dans ces projets, et le taux d’assignation de parenté sera vérifié sur des parents et des descendants de généalogie connue. Il est également prévu dans le programme GeneSea de faire évoluer le logiciel VitAssign, initialement conçu pour réaliser des assignations de parenté en espèces aquacoles avec des marqueurs microsatellites, afin de le rendre performant sur des marqueurs SNP. Pour cela, des travaux de R&D sont engagés notamment sur la méthode de définition des seuils utilisés par la méthode du maximum de vraisemblance. Chez la poule, le panel d’assignation de parenté développé dans RefGenDivA en collaboration avec l’INRA (financement par le CRB-Anim) aura également pour objectif l’assignation à la race. La collecte des échantillons est en cours dans 11 races et lignées (dont 8 races locales) pour la phase de développement, et dans 18 lignées et races (dont 12 races locales) pour la phase de validation. Les trios père mère descendant (6 ou 7 par population) seront génotypés sur puce 50K. Les marqueurs pour le panel seront choisis avec une méthode itérative développée spécifiquement pour ce projet, qui consistera à ajouter et à supprimer successivement des marqueurs avant de tester les assignations de parenté et à la race. Les trios collectés pour la phase de validation seront génotypés uniquement sur les SNP retenus pour faire partie du panel, ils ont été choisis dans des lignées et races n’ayant pas été utilisées dans la 1ère phase de choix des marqueurs.

### **c - Hybridation interspécifique**

Le projet HybridationCaille (cofinancement Caillor et AgenAvi) est réalisé en collaboration avec l’INRA. Les marqueurs SNP ont été choisis à partir de séquences de cailles des blés (2 individus) et de cailles japonaises (20 individus). Plus de 1,7 millions de SNP étaient disponibles pour choisir les 192 SNP qui seraient testés pour la détection et l’estimation de l’hybridation. Ces SNP ont été filtrés sur la profondeur du séquençage ayant permis de les identifier et sur leur qualité, et choisis de façon à couvrir l’ensemble du génome. La liste des 192 SNP candidats inclut également 2 marqueurs du sexe, et 4 marqueurs de l’ADN mitochondrial afin de déterminer le cas échéant l’origine paternelle



ou maternelle d'une hybridation. Ces marqueurs ont été génotypés avec la technologie Kaspar sur 285 échantillons : 116 cailles des blés, 80 cailles japonaises, et 89 hybrides (taux d'hybridation connu). Les échantillons de cailles des blés proviennent d'un précédent projet (prélèvements réalisés sur différents sites en France, en Espagne, et au Maroc) ainsi que d'une population maintenue par l'INRA. Les cailles japonaises sont issues de lignées commerciales (sélectionneur Caillor) et de lignées expérimentales INRA. L'analyse des SNP génotypés sur ces cailles est en cours, il est prévu dans un 1er temps de vérifier le taux de fixation des SNP dans les 2 espèces (sur les cailles pures), et dans un 2nd temps de calculer les taux d'hybridation sur la base des marqueurs SNP afin de les comparer aux taux d'hybridation connus.

### **E - Acquisition de connaissances**

Les travaux de R&D réalisés dans 57K-Truite et StyliSNP ont permis l'acquisition de connaissances sur le niveau de diversité génétique dans les populations de truites et de crevettes, et les données moléculaires ont fournis des résultats cohérents avec l'histoire des populations. Les travaux entamés et/ou prévus sur l'assignation de parenté vont permettre à la fois le développement d'outils et de méthodes pour l'assignation de parenté adaptées aux structures des populations aquacoles et avicoles. Le panel en cours de développement pour mesurer l'hybridation chez les cailles des blés et les cailles japonaises donnera accès à un niveau d'information plus précis sur le taux d'hybridation de ces espèces. Plus généralement, la plupart de ces projets ont donné lieu à la création de marqueurs SNP, jusqu'alors inexistantes pour les espèces concernées, qui ouvrent la voie à un suivi et à une gestion au niveau génomique de leur variabilité génétique.

### **3-3-2 Pour créer des outils de génotypage haut débit spécifiques et sélectionner les populations avicoles et aquacoles (Axe 2B)**

*(Thématique 2, Actions 2 & 4)*

#### **A - Objectifs**

Pour réaliser son objectif de sélection des populations avicoles et aquacoles, le SYSAAF accompagne ses adhérents afin de mettre en œuvre les méthodes de sélection les plus performantes et les plus adaptées à leurs besoins. Depuis 2008, le SYSAAF sensibilise les sélectionneurs aux possibilités offertes par l'utilisation de l'information génomique en sélection. Initialement inaccessible en raison des coûts, les analyses de génotypages sont devenues envisageables ou sont en voie de l'être en espèces avicoles et aquacoles. Le SYSAAF a pour objectif, par le moyen de R&D interne et de projets de recherche, de proposer à ses adhérents la meilleure utilisation possible de la génomique dans leurs populations. Les espèces concernées ou candidates pour l'utilisation de SAM (Sélection Assistée par Marqueurs) ou de sélection génomique sont la poule (R&D interne), la truite (SG-Truite, Re-Sist, FishBoost, NeoBio, Omega-Truite), le bar (Re-Sist, FishBoost, GeneSea, PerformFish), la daurade (GeneSea, FishBoost, PerformFish), l'esturgeon (SiberSex), l'huitre (Vivaldi), la perche (Sex'N Perche). Pour certaines espèces, les outils de génotypage à haut-débit ne sont pas disponibles, et la mission du SYSAAF est de permettre aux adhérents de disposer de ces outils (génomomes assemblés, puces), aujourd'hui indispensables pour une mise en œuvre en routine de la SAM ou de la sélection génomique. Les espèces pour lesquelles le SYSAAF contribue à l'obtention d'information sur les génomes sont le canard de Barbarie (CanArray), la poule (AviDeDisparition), l'esturgeon (SiberSex), et la daurade (GeneSea). Dans plusieurs populations aquacoles, le SYSAAF a pour objectif le développement de ressources SNP afin d'identifier des marqueurs utilisables pour de la SAM, pour de la résistance aux maladies (huitre - Vivaldi) ou bien pour la production d'animaux d'un sexe donné (esturgeon - SiberSex, perche Sex'N Perche, truite - NeoBio). Enfin, le SYSAAF a pour objectif de développer des puces de génotypage haute ou moyenne densité chez le canard (CanArray), le bar (GeneSea) et la daurade (GeneSea).



## **B - Etat de l'art**

### **a - SAM et sélection génomique**

Grâce aux marqueurs SNP, il est possible de rechercher les régions du génome ayant un effet sur un caractère dans des analyses GWAS (Genome Wide Association Study – Analyse d'association marqueurs- caractère sur l'ensemble du génome). L'identification de SNP liés à des performances permet d'appréhender le déterminisme génétique des caractères dans de nombreuses espèces (Li et al. 2013). En routine, ce type de marqueurs est utilisé grâce à des puces de génotypage pour la réalisation d'évaluations génomiques. La sélection génomique nécessite une population de référence phénotypée et génotypée, de préférence très apparentée aux individus candidats à la sélection, qui permet d'entraîner le modèle d'estimation des valeurs génétiques sans avoir à phénotyper les candidats. Le passage d'une sélection classique à une sélection génomique peut conduire à une augmentation du progrès génétique grâce à l'amélioration d'un ou plusieurs de ces paramètres : intervalle de génération, intensité de la sélection, précision de l'estimation des valeurs génétiques. La sélection génomique facilite notamment la sélection de caractères liés au sexe (reproduction par exemple) en améliorant la sélection sur le sexe opposé, et plus généralement des caractères non mesurables sur les candidats à la sélection (mesure létale). Son intérêt a déjà été validé dans plusieurs espèces : bovins laitiers (Van Raden et al., 2009), bovins allaitants (Weber et al., 2012), ovins laitiers (Duchemin et al., 2012), ovins allaitants (Banks et al., 2009), chevaux trotteurs (Brard & Ricard 2015), ainsi que chez la pondeuse dans le cadre du programme UtOplGe, dont le SYSAAF était partenaire, et par plusieurs sélectionneurs de l'espèce Gallus (pondeuses et poulet de chair : Wolc et al. 2011, Chen et al. 2011). En espèces aquacoles, les premières études basées sur des données simulées ont montré que la sélection génomique pourrait améliorer la précision des valeurs génétiques sur des caractères non mesurables sur les candidats à la sélection (Sonesson et al. 2007, Nielsen et al. 2009, Villanueva et al. 2011). Ces simulations ont rapidement été suivies de publications sur données réelles confirmant l'intérêt de la sélection génomique chez le saumon pour des caractères de croissance (Tsai et al. 2015), de résistance aux maladies et de couleur du filet (Odegard et al. 2014). Toujours sur le saumon, une région du génome ayant un fort impact sur la résistance à l'IPN a été mise en évidence (Houston et al. 2008), et est depuis utilisée par la société Aquagen pour diffuser des individus résistants. Plus récemment, des travaux ont été publiés chez la truite pour la résistance aux maladies (Vallejo et al. 2016, Vallejo et al. 2017) et pour des caractères de rendement de carcasse et de filet (Gonzales-Pena et al. 2016). Ces éléments de la bibliographie soulignent l'intérêt potentiel de la génomique pour les lignées des adhérents du SYSAAF, aussi bien pour les espèces avicoles qu'aquacoles, chez lesquelles de nombreux caractères d'intérêt ne sont pas mesurables sur les candidats à la sélection : sélection de mâles pour des caractères exprimés par les femelles (ponte), sélection de candidats sur des mesures obtenues sur collatéraux (challenges pathologiques, caractères de rendement, ou qualité de la chair, croissance réalisée en milieu de production et non sur le site de sélection) ou sur descendance (indexation de 2 espèces en lignées pures (canard commun et de Barbarie) sur les performances réalisées par l'hybride issu de leur croisement [canard mulard pour la production de foie gras]) ou sur descendance pour raccourcir l'intervalle entre génération en utilisant les informations produites à la génération précédente

### **b - Connaissance du génome et création de puces de génotypage à haut débit**

La mise en œuvre d'évaluations génomiques en routine nécessite l'obtention d'une génération sur l'autre de génotypes sur une liste de marqueurs SNP, afin de pouvoir estimer des matrices d'apparentement génomique entre l'ensemble des individus : parents, candidats, individus phénotypés si les candidats ne peuvent être mesurés pour le caractère d'intérêt (population de référence). L'utilisation de puces de génotypage est répandue dans les espèces citées précédemment et chez qui des évaluations génomiques sont réalisées en routine (ovins, bovins, poule, saumon). Parmi les espèces présentes au SYSAAF, seules 4 d'entre elles disposent de puces





haute ou moyenne densité publiques et donc accessibles à tous les adhérents du SYSAAF : la poule (600K SNP, Kranis et al. 2013), la truite arc-en-ciel (57K SNP, Palti et al. 2015), l'huitre creuse et l'huitre plate (27K SNP huitre creuse + 11K SNP huitre plate, Gutierrez et al. 2017). La mise au point de ces outils est réalisée à partir de données de séquençage, c'est-à-dire par la lecture de fragments d'ADN, dans lesquelles des marqueurs SNP (polymorphisme d'un nucléotide au milieu d'une région identique dans un maximum de populations) sont recherchés. Si le génome de référence de l'espèce est disponible, les séquences sont alignées sur ce génome afin d'assurer une bonne couverture de l'ensemble des chromosomes. La bonne répartition des marqueurs sur l'ensemble du génome conditionne en partie les résultats de la sélection génomique, qui a été conceptualisée au début des années 2000 (Meuwissen et al. 2001), et qui fait l'hypothèse que la totalité des QTL (régions du génome ayant un effet sur un caractère) sont statistiquement liés à un marqueur SNP. Plusieurs espèces présentes au SYSAAF ne bénéficient pas encore de ce niveau de connaissance du génome, qui est un atout pour le développement des outils génomiques envisagés (esturgeon, daurade, turbot, canard de Barbarie).

### c - Génomique et production sexée

Les déterminismes du sexe chez les poissons sont extrêmement variables et peuvent être soit hermaphrodites principalement protandre ou gynandre ou génétiques, soit environnementaux, soit génétiques et modulables par l'environnement (Baroiller and Guiguen, 2001). Les systèmes génétiques les plus fréquents sont soit des systèmes mono-factoriels à hétérogamétie mâle (comme chez les mammifères XX/XY), soit à hétérogamétie femelle (comme chez les oiseaux ZZ/ZW) mais il existe aussi des cas d'espèces possédant des chromosomes sexuels multiples (X, Y et W) ou des systèmes polygéniques pour lesquels c'est la combinaison de plusieurs allèles qui va déterminer le sexe phénotypique des individus (Moore and Roberts, 2013). Le contrôle du sexe génétique et/ou phénotypique chez les poissons représente un objectif pour la production commerciale car il est souvent intéressant de pouvoir élever des populations monosexes pour bénéficier d'un avantage lié à l'un des sexes. Cet avantage peut être une performance de croissance supérieure (femelles de perche), une maturation sexuelle plus tardive (femelles de salmonidés), ou un produit de valeur spécifique chez un seul sexe (caviar d'esturgeon). Chez les salmonidés, des géniteurs génétiquement femelles mais phénotypiquement mâles sont obtenus par masculinisation aux androgènes de femelles. Ces animaux appelés néo-mâles (mâles XX), reproduits avec des femelles « normales » (femelles XX), permettent d'obtenir des populations monosexes femelles. Par ailleurs, les données publiées (Feist et al, 1995 ; Okada et al, 1979 ; Tsumura et al, 1991) et les observations en pisciculture démontrent qu'il est possible d'influencer le sexe phénotypique chez la truite indépendamment du système génétique XX/XY, en combinant facteurs génétiques et/ou environnementaux. En particulier, les résultats indiquent globalement un effet masculinisant des traitements à 18°C qui pourrait être exploité pour la production de néomâles sans hormone. Cependant, l'utilisation d'animaux ayant une propension élevée à la masculinisation risque à terme de favoriser l'apparition d'animaux masculinisés dans leurs descendance élevées à température standard. Il est donc nécessaire d'évaluer ce risque et de se doter d'outils permettant de le gérer, à l'aide de mesures techniques (contrôle de l'environnement) ou de mesures de gestion génétique particulières, par exemple en privilégiant l'utilisation d'animaux à forte thermosensibilité pour produire les néomâles. Disposer de marqueurs génétiques associés à la thermosensibilité serait donc un outil particulièrement intéressant dans cette perspective. Dans d'autres espèces, comme la perche et l'esturgeon, le dispositif de masculinisation des femelles n'existe pas encore, malgré l'intérêt des populations femelles pour la production. De précédents projets ont permis d'appréhender leur déterminisme sexuel, qui serait de type XX/XY chez la perche, et de type ZZ/ZW chez l'esturgeon, mais aucun test moléculaire ne permet d'identifier le sexe génétique des individus de ces espèces faute d'identification précise à ce jour des régions du génome en cause.



## C - Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques

### a - SAM et sélection génomique

Chez la poule, l'intérêt d'évaluations génomiques pour des caractères de production d'œuf a été mis évidence chez un sélectionneur du SYSAAF avec un modèle de type single-step, dans lequel chaque marqueur SNP a un poids identique dans l'analyse (Picard-Druet et al. 2018). Dans la même lignée, des régions du génome impactant fortement certains de ces caractères (QTL) ont été mis en évidence (Romé et al. 2015). Or, dans ce cas de figure, des modèles plus adaptés à la réalité de l'architecture génétique du caractère peuvent être utilisés, comme le single-step pondéré, qui estime de façon itérative des pondérations pour les marqueurs SNP en fonction de leurs effets (Zhang et al. 2016). Plusieurs méthodes existent pour calculer ces pondérations, mais en l'absence de consensus sur la méthode la plus appropriée il est nécessaire d'étudier l'effet du choix de la méthode sur la précision des évaluations génomiques.

Chez les espèces aquacoles, les références citées précédemment présentent des résultats obtenus dans des populations composées de familles de pleins-frères (un mâle accouplé avec une femelle). Dans les populations aquacoles gérées au SYSAAF, les croisements factoriels génèrent de très grandes familles de demi-frères, et cette structure familiale permet l'obtention de valeurs génétiques précises même si l'individu évalué a très peu de pleins-frères (Haffray et al. 2018). Cette différence majeure de structuration familiale nécessite donc de vérifier l'apport d'évaluations génomiques pour les populations des sélectionneurs du SYSAAF concernées : truite, bar et daurade. La connaissance de l'architecture génétique d'un caractère permet d'adapter en conséquence le modèle d'évaluation génomique. Il a été montré chez plusieurs espèces aquacoles que des résistances à des maladies ou à des parasites étaient en grande partie déterminées par quelques régions du génome (Yáñez et al. 2014). Il est donc nécessaire de vérifier chez la truite, le bar et la daurade si les caractères d'intérêt (résistance aux maladies, reproduction, caractères de découpe et de qualité du produit) sont déterminés par l'ensemble du génome (caractères polygéniques) ou s'il existe des QTL à effets forts, et si ces éventuels QTL sont partagés ou non entre populations. Les mollusques sont eux aussi concernés par l'étude du déterminisme génétique de caractères de résistance aux maladies, l'identification de QTL pourrait permettre dans ces espèces d'envisager une sélection assistée par marqueur.

### b - Connaissance du génome et création de puces de génotypage à haut débit

Chez la poule, des différences significatives de taille de génome ont été observées entre différentes lignées white leghorn (en cours de publication), et les 1ers résultats suggèrent que des pertes d'ADN survenues au cours de l'histoire évolutive des lignées pourraient en être la cause. Des différences de tailles ont été constatées entre lignées, mais il serait également intéressant de vérifier si de la variabilité de taille de génome existe aussi intra-lignée ou non, afin d'en tenir éventuellement compte dans la réalisation d'évaluations génomiques. A l'heure actuelle, aucun test ne permet d'identifier le caractère présent ou absent de telles régions, ce qui nécessite la mise au point de ces tests pour une étude plus poussée de la variabilité inter et intra population de la taille du génome.

Pour la mise en œuvre d'évaluations génomiques chez le bar, la daurade, le canard de Barbarie et le canard Pékin, le développement de puces de génotypage haute ou moyenne densité est un prérequis. Si pour le bar un génome assemblé existe déjà, cette ressource n'est pas disponible pour la daurade. Un verrou à lever est donc le séquençage et l'assemblage de son génome. Chez les canards, le génome du canard commun est déjà disponible, mais pas celui du canard de Barbarie. L'objectif étant de produire une puce avec un maximum de SNP communs aux 2 espèces, une première incertitude à lever est le recoupement des génomes de ces 2 espèces. Chez l'huitre une puce mixte huitre plate et huitre creuse a récemment été développée (Gutierrez et al. 2017), mais le taux élevé de mutation dans le génome de ces espèces augmente le risque d'obtenir des allèles



nuls (allèles qui ne peuvent être lus à cause de mutations dans les amorces des marqueurs SNP), et le bon fonctionnement des marqueurs de cette puce doit donc être vérifié. Enfin chez l'esturgeon, aucun développement de puce n'est encore envisagé, mais le séquençage et l'assemblage du génome est nécessaire pour la cartographie des régions intervenant dans le déterminisme sexuel de cette espèce. Le caractère octoploïde du génome de l'esturgeon constitue un verrou technologique supplémentaire qu'il faudra lever.

### **c - Génomique et production sexée**

Chez la truite, l'utilisation de la température pour la génération de néomâles à partir de femelles constitue une opportunité car cette technique permettrait de s'affranchir de l'utilisation d'hormones sur les reproducteurs. Les premières études n'avaient pas montré d'effet de la température, quelle que soit la durée d'expositions à la température, confirmant le rôle déterminant du système génétique XX-XY. Cependant, des travaux plus récents ont montré un effet des températures élevées (18°C) pouvant conduire à des déviations significatives du sex-ratio dans des familles standard (augmentation ou diminution de la fréquence de mâles selon les populations ; Magherans et al, 2009) ou à une masculinisation marquée de descendance XX porteuses du caractère « male » (Valdivia et al, 2014). La sensibilité à la température dépend donc du fond génétique (Valdivia et al, 2014) et serait de plus héritable (Magerhans et Horstgen-Schwark, 2010). Cependant, aucune étude ne permet d'évaluer les corrélations éventuelles entre les taux de masculinisation aux différentes températures. En effet, l'étude de Magerhans et al. a été réalisée avec des familles standard dont le sex-ratio de base (1 :1) et est peu propice à la détection de petites déviations à température normale. Valdivia et coll. ont travaillé avec des familles monosexes femelles porteuses du caractère « male », beaucoup plus propices à la détection de faibles taux de masculinisation mais trop peu nombreuses et possédant un fond génétique particulier, ce qui ne permet pas de généraliser les résultats obtenus. On ne sait donc pas s'il existe chez la truite des facteurs spécifiques de la sensibilité à la température conduisant à des fréquences élevées de masculinisation uniquement à température élevée. L'existence de facteurs de ce type serait favorable en pratique, car elle permettrait de combiner un fort taux de masculinisation à température élevée (pour produire les néomâles) sans augmenter notablement le risque de masculinisation dans leurs descendance élevées à température normale. Chez la perche, de 1ers travaux de génotypage par séquençage (non publiés) ont permis de mettre en évidence des séquences spécifiques du sexe. Une séquence de 100 nucléotide a ainsi été identifiée, comportant en particulier un polymorphisme de type SNP qui est homozygote avec un allèle « G » chez les femelles et hétérozygote avec deux allèles « G/T » chez tous les mâles. L'hypothèse peut donc être faite que ce marqueur trace un gène causal, et un verrou à lever est la découverte de ce gène, qui permettrait la mise au point d'un test génétique complètement fiable pour le sexage de la perche. Chez l'esturgeon, le caractère octoploïde du génome augmente la complexité de la recherche de régions déterminant le sexe, et un verrou à lever sera l'identification fiable de marqueurs SNP pouvant servir de base pour rechercher une association entre le sexe et les génotypes aux marqueurs.

## **C - Travaux R&D réalisés, démarche expérimentale**

### **a - SAM et sélection génomique**

Chez la poule, l'intérêt du single-step pondéré a été étudié dans le cadre de R&D interne sur une population disposant de génotypes 600K SNP et de phénotypes sur des critères de qualité d'œuf. Les individus génotypés étaient des reproducteurs mâles et femelles de plusieurs générations successives, connus sur descendance. La précision des évaluations a été calculée sur une population de validation comme la corrélation entre les valeurs génétiques vraies et les valeurs génétiques estimées en masquant les phénotypes. Les modèles comparés étaient le BLUP (évaluation génétique classique), le single-step (évaluation génétique avec poids égal pour tous les SNP), et des itérations

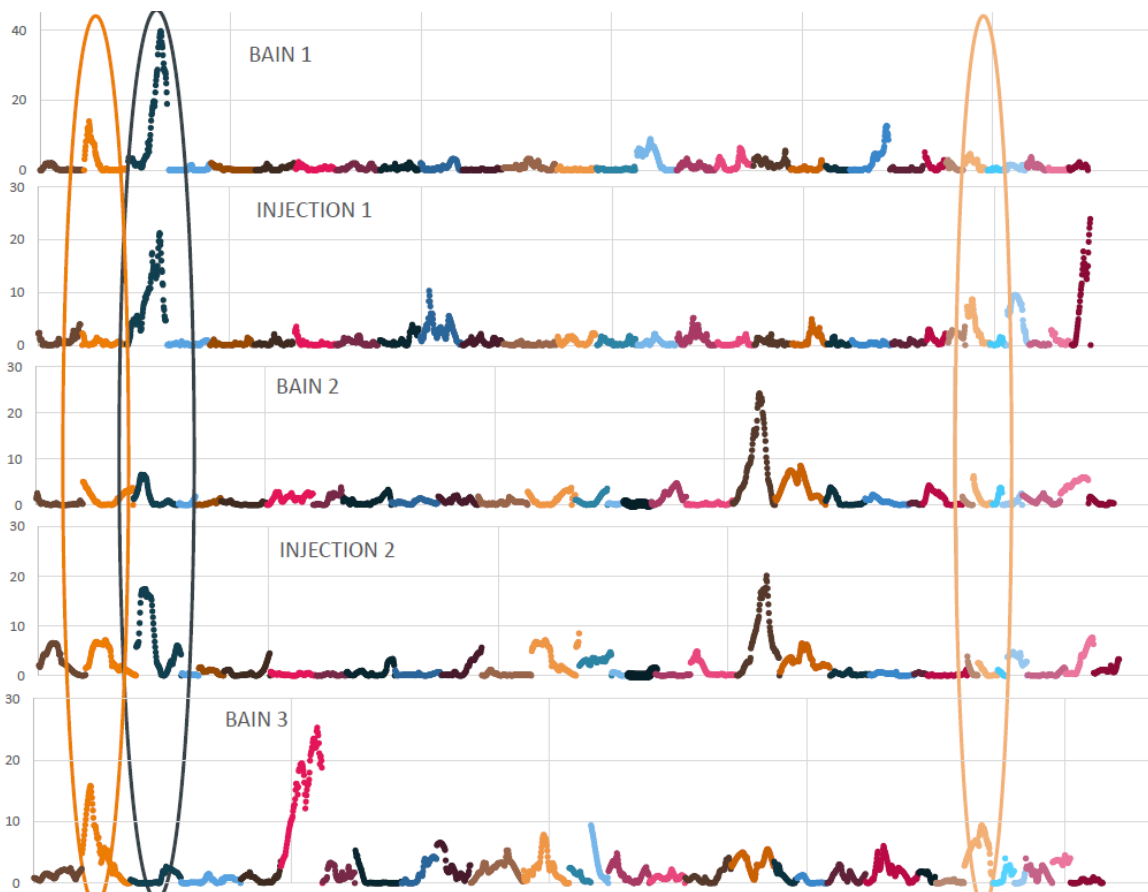




successives de single-step pondéré (évaluation génomique avec pondération appliquée aux SNP en fonction de leurs effets). Les résultats nous permettront d'évaluer l'intérêt éventuel de faire évoluer la chaîne d'évaluation génomique, au regard du temps de calcul plus élevé de cette méthode.

Chez la truite, le caractère sur lequel la plus importante part de la R&D génomique a été engagée est la résistance à la flavobactériose. Cette thématique fait l'objet de la thèse CIFRE de Clémence Fraslin, valorisant des échantillons issus de croisements de lignées isogéniques INRA et commerciales collectés dans les projets ReSist, FishBoost et 57K-Truite. Au sein d'une lignée isogénique, tous les animaux sont identiques et les SNP sont tous fixes (100% d'homozygotes). Ces lignées étant très différentes entre elles, leur croisement est particulièrement adapté pour observer la ségrégation des allèles et pour les relier aux phénotypes mesurés sur les individus. Un croisement a été étudié dans le projet ReSist, et 2 autres dans le projet FishBoost, d'environ 300 individus chacun, avec infection par injection ou par bain. Aucune puce de génotypage n'étant disponible au début de ces projets, les truites challengées et leurs parents ont été génotypés en RADseq (génotypage par séquençage). Entre 800 et 2500 marqueurs ont été identifiés suivant les croisements avec le logiciel STACKS, puis des cartes génétiques ont été produites avec le logiciel CarthaGène. Des détectations de QTL ont été réalisées avec QTLMap sur la résistance à la flavobactériose par analyse de survie. Ces analyses ont permis d'identifier des QTL liés à la sensibilité à la flavobactériose sur plusieurs groupes de liaison du génome, spécifiques ou non des familles et des modes d'injection (Figure 7). La validation des QTL détectés dans ces lignées expérimentales est en cours dans une population commerciale de Bretagne Truite génotypée sur la puce 57K SNP dans le projet 57K-Truite, et est prévue dans une population de Sources de l'Avance. 720 individus ont été choisis pour le génotypage à partir des 1733 truites challengées et de parents connus, en développant une méthode d'échantillonnage permettant de minimiser l'apparement moyen, de représenter tous les pères et toutes les mères, et d'avoir un taux de survie proche de celui observé dans l'échantillon total. Après contrôles qualité, 38K SNP ont été conservés pour la réalisation d'une GWAS (Genome-Wide Association Study) sur les caractères mort/vivant et date de mort, en testant l'effet des marqueurs SNP individuellement (logiciel GCTA) ou simultanément (logiciel blupF90). Les résultats préliminaires semblent confirmer la présence de QTL détectés dans les lignées isogéniques INRA, et suggèrent l'existence d'autres QTL présents dans la lignée commerciale. Dans le projet SG-Truite, (Thèse CIFRE de Jonathan d'Ambrosio), une population commerciale des Aquaculteurs Bretons a été challengée pour la résistance à l'IPN, une population sources de l'Avance a été phénotypée pour des caractères de découpe et une population Viviers de Sarrance doit être mesurée pour des caractères de reproduction femelle. Le génotypage de ces populations sur puce 57K SNP est prévu courant 2018 afin de déterminer l'architecture génétique des caractères et d'estimer le gain en précision éventuellement permis par la sélection génomique comparé à une évaluation classique. Toujours chez la truite, le test de la sélection génomique pour sélectionner sur la composition en acide gras de la chair sera réalisé dans le cadre d'Omega-Truite. La méthode de phénotypage est actuellement en cours de développement.



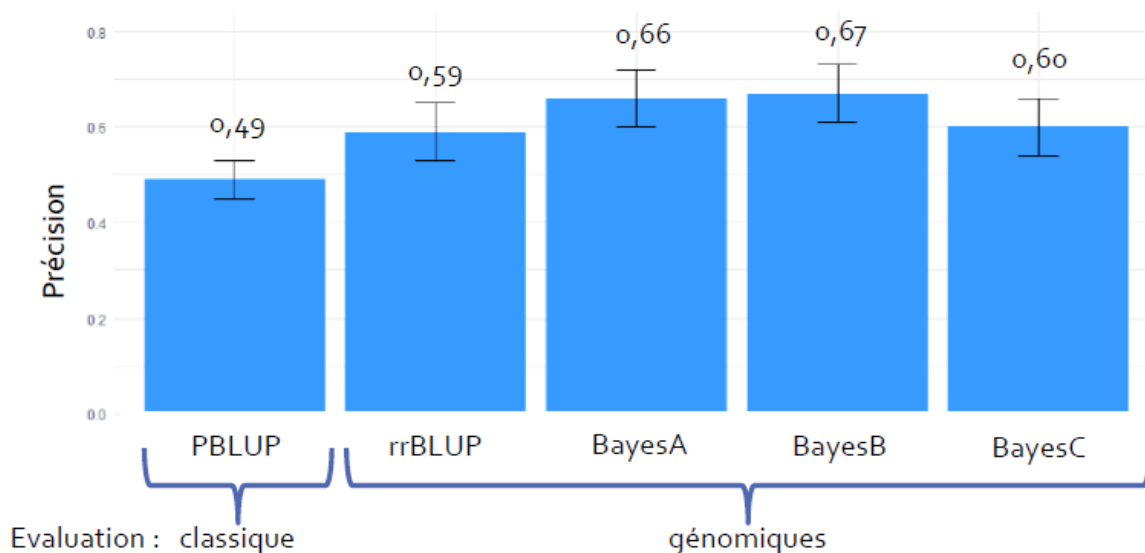


**Figure 20** : Recherche de régions du génome associées à la survie dans 3 familles de truites challengées à la flavobactériose par bain (familles 1,2,3) et par injection (familles 1,2). En abscisse : les SNP classés par groupe de liaison. En ordonnée : l'importance de l'effet du SNP sur le caractère. Les groupes de liaison n°2, 3 et 25 comportent des SNP ayant un effet sur la survie dans les 3 familles.

Chez le bar, la R&D génomique porte sur la résistance à la pathologie VNN (Nécrose Nerveuse Virale) dans les projets FishBoost et Re-Sist. Des familles ont été obtenues par le croisement de femelles sauvages ouest-méditerranéens avec des mâles d'origine géographiques différentes, puis challengées au VNN (environ 370 individus par type de croisement) sur la Plateforme Fortior-Genetics. Faute de puce moyenne densité disponible, le génotypage a été réalisé sur une liste de 3072 SNP obtenus à partir de génotypage par séquençage et choisis pour le design d'une puce Illumina. Pour des raisons techniques dues à un outil fourni par Illumina pour le design des amorces, seulement 50% des SNP se sont révélés exploitables. Le génotypage des individus challengés a néanmoins permis la réalisation d'une GWAS et la détection d'un SNP associé à la survie, mais le faible nombre de marqueurs nécessitera de confirmer l'existence de cette association avec une couverture plus dense du génome. Une lignée commerciale de la Ferme Marine du Douhet a également été phénotypée (1322 individus) et génotypées par Rad-Seq (9195 SNP utilisables). Trois SNP associés à la survie ont été mis en évidence, mais aucun QTL n'a été clairement détecté. La comparaison d'évaluations génétiques et génomiques a été réalisée par validation croisée : les phénotypes des individus ont été masqués alternativement pour estimer leurs valeurs génétiques sans leurs performances propres (évaluations génétiques et génomiques), et comparées aux valeurs génétiques « vraies » (obtenues en utilisant la totalité des phénotypes). Cette étude a permis de montrer que dans cette population les 9K marqueurs utilisés améliorent la précision des valeurs génétiques de 20 à 37% suivant le modèle d'évaluation génomique utilisé (BLUP ou méthode Bayésienne) (Figure 8). Il est prévu de poursuivre la R&D sur ce caractère dans le programme



GèneSea, sur la base cette fois d'une puce de génotypage 57K développée dans le projet. Le génotypage de 1152 bars d'une population de la Ferme Marine du Douhet, de 1152 bars d'une population de l'Écloserie Marine de Gravelines et de 1152 bars de l'Ifremer permettra de progresser sur la compréhension du déterminisme de la résistance au VNN et de tester l'intérêt de la sélection génomique dans les populations commerciales avec la puce 57K qui, contrairement aux données de génotypage par séquençage obtenues précédemment dans les projets FishBoost et Re-Sist, sera utilisable en routine. Le programme GèneSea prévoit les mêmes analyses chez l'Écloserie Marine de Gravelines (EMG) pour une autre maladie touchant le bar, la vibriose. Cette maladie sera étudiée dans le cadre de PerformFish dans 250 familles fournies par EMG, avec vérification des effets d'interaction entre génotype et aliment.

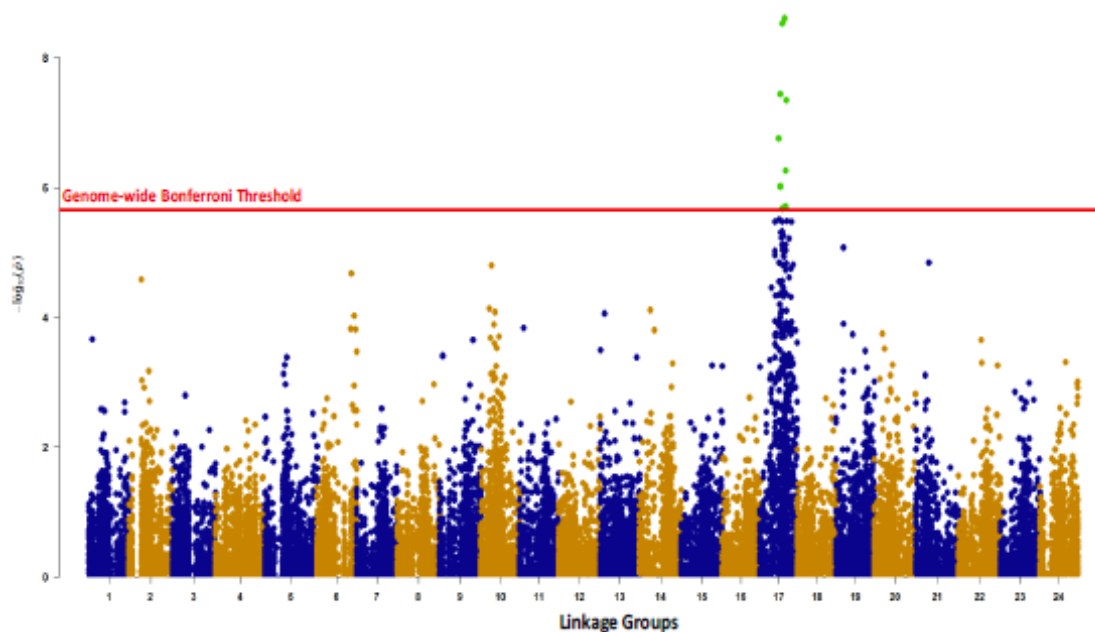


**Figure 21** : Précision des valeurs génétiques estimées pour la résistance au VNN chez le bar en fonction de la méthode utilisée (Aslam et al., 2017).

Chez la daurade, une population de 1300 individus de la Ferme Marine du Douhet (FMD) précédemment phénotypée pour la résistance à la pasteurelle, a été génotypée par séquençage sur un peu plus de 28K marqueurs dans le programme FishBoost. Une GWAS a mis en évidence l'existence d'un QTL pour la survie à cette maladie, expliquant environ 15% de la variance génétique (Figure 9). Le test de la sélection génomique a montré que sur la base des 28K marqueurs utilisés le gain en précision apporté par la génomique dans cette population serait de 19 à 27% suivant la méthode d'évaluation génomique utilisée. Les résultats sont soumis à publication (Palaiokostas et al., 2017). Il est également prévu de travailler sur la résistance à la nodavirose dans le programme GèneSea, sur une population de daurade de l'Écloserie Marine de Gravelines. Toujours sur la daurade, le projet PerformFish va permettre de tester la sélection génomique dans une population de la Ferme Marine du Douhet pour des caractères d'efficacité alimentaire individuelle en 2019.







**Figure 22** : Manhattan plot d'association des SNP avec la survie à la pasteurisation chez la daurade

Chez l'huitre, des travaux de R&D génomique sont en cours sur la résistance au vibrio chez l'huitre creuse. Un peu plus de 1800 huitres soumises à des challenges de vibrio aesturianus ont été génotypés par séquençage afin de rechercher des associations entre marqueur SNP et résistance. L'analyse des données de séquençage pour l'identification de marqueurs SNP est en cours. La validation de QTL précédemment mis en évidence pour la résistance à OsHV-1 chez l'huitre creuse est également en cours, par génotypage de ces QTL chez des individus challengés.

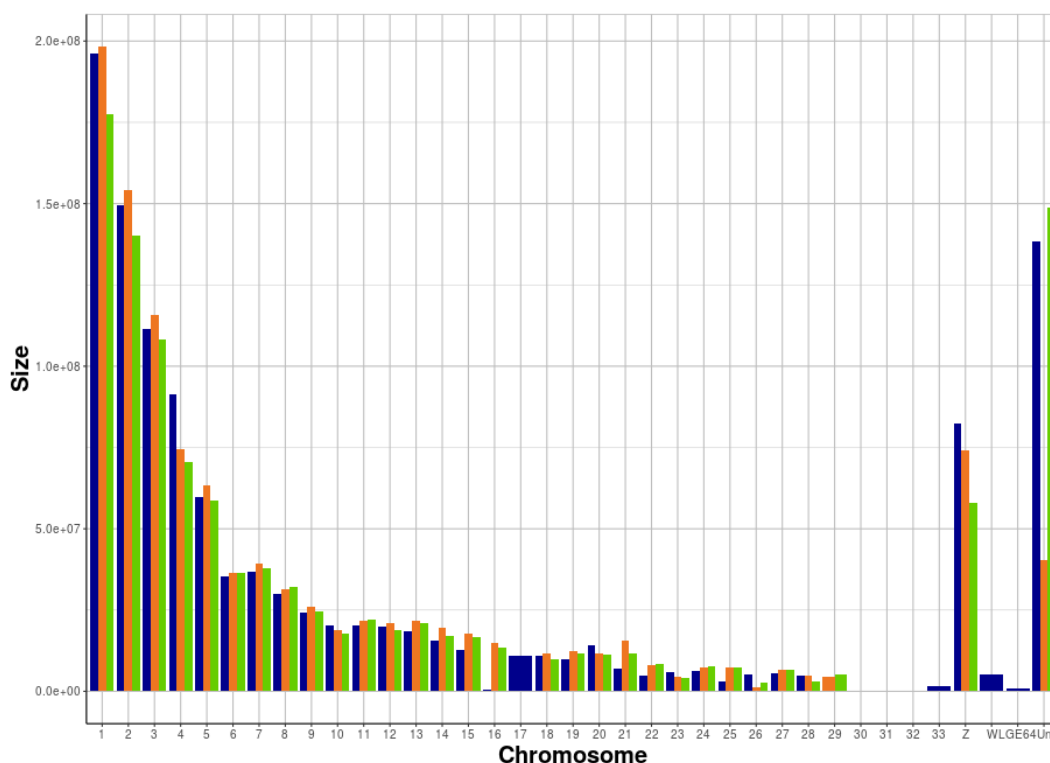
#### **b - Connaissance du génome et création de puces de génotypage à haut débit**

Afin d'identifier des individus extrêmes en terme de variation de taille du génome chez la poule, 4 lignées white leghorn ont été testées par cytométrie dans le programme AviDeDisparition, financé par le CRB-Anim (collaboration SYSAAF-INRA). 45 à 48 femelles par lignée, choisies parmi 50 familles de pères afin d'être représentatives de la population, ont été prélevées. La taille du génome a été estimée par cytométrie, et a permis de mettre en évidence de la variabilité inter-lignées, avec des tailles de génomes moyennes différentes d'une population à l'autre, et un niveau de polymorphisme de taille de génome variable d'une lignée à l'autre (2 lignées avec peu de variabilité de taille de génome, 2 lignées avec un niveau important de polymorphisme de taille de génome). Pour comprendre l'origine de ces différentes tailles de génome, 2 individus extrêmes de chaque lignée sont en cours de séquençage.

Chez le canard, le génome du canard Commun a servi de référence pour l'alignement du génome du canard de Barbarie dans le projet CanArray, financé par les régions Pays de la Loire et Nouvelle-Aquitaine (collaboration SYSAAF-INRA). L'assemblage du génome du canard de Barbarie a été réalisé en utilisant 2 types de séquences : de petites séquences de 150 à 500 paires de bases, les paired-ends, pour lesquelles on connaît la totalité de la séquence, et de grandes séquences de 2 000 à 10 000 paires de bases, les mate-pairs, dont on connaît la séquence uniquement aux extrémités. Les paired-ends ont permis d'aligner les petites séquences pour former des contigs. L'ajout de l'information apportée par les mate-pairs a conduit à rassembler ces contigs dans des scaffolds. L'alignement des deux génomes a été réalisé avec le logiciel LAST. A l'issue de cette tâche, le génome de référence obtenu pour le canard Barbarie compte 0,996 Giga bases. Il s'agit du tout premier génome de référence pour cette espèce, or la couverture du génome est comparable à celle de la poule, qui a bénéficié de nombreux re-séquençages et dont l'assemblage du génome en est à la 5<sup>ème</sup> version. L'étape suivante est la détection et le choix des SNP pour la constitution de la puce 600K. A



Cette fois, des échantillons ont été prélevés dans des lignées de canard Barbarie et de canard Pékin fournies par les sélectionneurs Grimaud Frères Sélection et Orvia Gourmaud Sélection, ainsi que par l'INRA. Ces prélèvements ont été complétés par des échantillons de canards colverts et de canards Rouen. Au sein de chaque lignée ou population, 50 canards mâles ont été séquencés en pool, de façon à avoir une bonne représentation de la variabilité de la population (un individu par famille de père). Les analyses bio-informatiques pour l'identification et le choix des marqueurs sont en cours. Un pipeline de traitement de données de séquençage a été adapté afin de réaliser l'alignement des séquences obtenues dans les pools sur les génomes de référence. Après élimination des SNP dupliqués (logiciels Picard Tool, GATK), filtre sur la profondeur du séquençage, et estimation des fréquences alléliques pour l'identification de SNP variables intra espèce et intra population, le nombre de SNP identifiés est d'environ 5 millions chez le canard de Barbarie, et 9 millions chez le canard Commun.



**Figure 23** : Comparaison des tailles de génomes de la poule (bleu), du canard Commun (orange) et du canard de Barbarie (vert)

Pour le développement de la puce moyenne densité 57K pour le bar (GeneSea), un génome de référence est déjà disponible. L'identification des marqueurs SNP a été réalisée sur la base de données de séquences obtenues dans des trios père-mère-descendants et a permis d'obtenir 12 millions de marqueurs potentiels. Une première série de filtres sur la qualité des marqueurs a réduit ce nombre à 2.7 millions. Afin de réduire le jeu de marqueurs aux 57K attendus pour la puce, le critère qui a été utilisé est le déséquilibre de liaison (DL). La connaissance de la position physique des SNP sur le génome a permis d'estimer le DL entre les SNP le long des chromosomes, c'est-à-dire la liaison statistique entre marqueurs. Dans les régions où le déséquilibre de liaison est élevé (un marqueur couvre une large région), la densité de marqueurs retenus était peu importante. Dans les régions où le DL était faible (un marqueur couvre une faible portion du génome), la densité de marqueurs retenus a été augmentée. En effet, le taux de recombinaison variable le long des chromosomes du bar fait que la distance physique entre marqueurs ne correspond pas à une même distance génétique suivant la région du chromosome considérée. L'enrichissement de la puce 57K pour les régions recombinant fortement permettra pour les travaux prévus à partir de cette puce d'avoir une bonne couverture du génome.



Chez la daurade (GeneSea), aucun génome de référence n'est publié à ce jour. Les techniques retenues pour le séquençage sont le MinIon Oxford Nanopore, afin d'obtenir de longues séquences d'ADN pour l'assemblage. L'extraction d'une quantité suffisante d'ADN de bonne qualité s'est révélée problématique à cause de la fragilité de l'ADN et des travaux de R&D sont en cours pour progresser sur ce point. Afin de ne pas retarder l'obtention de la puce 57K daurade, les analyses pour l'identification des marqueurs SNP a été lancée parallèlement à la tâche d'assemblage du génome. Les données pour l'obtention des SNP sont les séquences de duos père-descendants fournis par la Ferme Marine du Douhet. Ces séquences subiront les mêmes types de filtres qualité que ceux appliqués chez le bar, et la prise en compte du DL pour le choix final des SNP dépendra de la disponibilité du génome de référence.

Chez l'huitre, le test de la puce mixte huitre plate huitre creuse est en cours dans le programme GenOyster. Cette puce a été testée sur 4 populations en sélection des entreprises de sélection SATMAR, Marinove, Vendée naissain et Novostrea. Et les résultats ont été publiés par les partenaires anglo-saxons (Gutierrez et al., 2017). Les principaux résultats sont que ces populations présentent de l'ordre de 20400 à 22500 marqueurs variables, soit l'équivalent des populations anglo-saxonnes testées. Les populations françaises diffèrent des populations anglo-saxonnes. Sept familles biparentales dans lesquelles le pedigree a été vérifié via le panel produit dans GigADN ont aussi été génotypées. Sur les 40675 SNP spécifiques de l'huitre creuse, il a été montré que 23486 SNP étaient de bonne ou de très bonne qualité en terme de taux de génotypage et de fréquence allélique, et que parmi ces SNP seulement 16133 SNP ne présentaient pas d'incohérences entre parents et descendants (erreurs de ségrégation mendélienne).

Enfin chez l'esturgeon, la production d'un individu approprié pour la réalisation du séquençage est en cours dans le projet SiberSex soutenu par le FEAMP.

### **c - Génomique et production sexée**

Pour les projets NéoBio, SiberSex et Sex'nPerche les travaux permettant le développement de marqueurs génétiques du sexe ont été détaillés dans le chapitre sur la mise au point de méthodes de phénotypage. Ces trois projets en sont encore au stade de la production des animaux expérimentaux et les approches en génomique sont envisagées à partir de 2018.



### **3-4 Recherche pour l'optimisation des outils informatiques et des méthodes statistiques** (Thématiques 1 & 2, Objectif opérationnel 5)

#### **3-4-1 Objectifs**

Le développement du phénotypage haut-débit, potentiellement pour de nouveaux caractères et la mise en œuvre des méthodes et outils de la génomique chez nos espèces, vont grandement contribuer à améliorer l'efficacité des programmes de sélection. Néanmoins, ces évolutions génèrent des données en nombre et de qualité différente, nécessitant pour être valorisée, voire utilisables, de faire évoluer les outils informatiques et les méthodes statistiques dont nous disposons en interne.

#### **3-4-2 Etat de l'art, Aléas, Incertitudes scientifiques & Verrous technologiques**

La qualité et la traçabilité des données, puis la bonne gestion et le bon traitement est une composante cruciale pour les sélectionneurs. Néanmoins, compte tenu de la très grande spécificité interindividuelle du métier de sélectionneur avicole ou aquacole et du faible nombre d'acteurs concernés, aucun outil n'est disponible commercialement que ce soit pour saisir, gérer, valider, traiter et analyser les données de sélection. En outre, en raison de l'évolution des demandes et des techniques qui conduisent les sélectionneurs à modifier les objectifs et l'organisation de leurs programmes de sélection, ainsi que les caractères mesurés, les besoins se complexifient. Les outils doivent donc constamment évoluer et l'une des missions essentielles du SYSAAF est d'en créer de nouvelles versions dans un processus continu d'adaptation.

Concernant les outils d'analyse et de traitement des données, certains logiciels sont commercialisés mais ils manquent souvent de polyvalence et surtout ne sont pas adaptables pour en envisager l'incorporation dans une chaîne de traitement, qui permet d'enchaîner automatiquement les opérations de mises en forme des fichiers au format adéquat et de réalisation des analyses successives. Cette automatisation est une dimension cruciale pour pouvoir envisager une utilisation en routine dans nos services, sachant que certaines analyses peuvent nécessiter un temps machine de plusieurs jours et que plusieurs populations doivent faire l'objet de traitements parallèlement à une même période calendaire. D'autres logiciels décrits dans des publications sont développés par des chercheurs et disponibles libre de droit. Néanmoins, là encore ils ne sont pas utilisables en l'état et la réalisation d'un véritable travail de recherche est un préalable nécessitant à la fois de bonnes connaissances de programmation et des concepts de la génétique. Ceci pour simplement les rendre opérationnels sur nos jeux de données et les tester, avant d'en envisager une éventuelle transcription et intégration dans nos "pipelines" informatiques.

#### **3-4-3 Travaux R&D réalisés, Démarche expérimentale & Résultats acquis**

##### **A - Logiciels de saisies des données : InfAvi et InfAqua**

InfAvi et InfAqua sont des applications "métiers" très liées au travail spécifique de sélection, non disponible commercialement, qui sont développés spécifiquement pour les adhérents du SYSAAF dans un processus de mutualisation. Les grandes différences entre l'élevage avicole (identification individuelle possible dès l'éclosion, élevage au sol, en cages individuelles ou en cages collectives) et l'élevage aquacole (identification individuelle impossible avant une taille minimale du poisson, élevage en bassins successifs) justifient l'existence d'un programme avicole (InfAvi) et d'un programme aquacole (InfAqua) développés en partenariat avec une même société de services informatiques. Ces logiciels leur permettent d'y saisir et de gérer leurs données de sélection, disposant pour cela de bases de données développées sous Access, de programmes de saisie spécifiques et d'un ensemble de procédures d'import/export/transformation de données.





L'évolution importante des demandes et des techniques conduisent les sélectionneurs à modifier et surtout complexifier leurs programmes de sélection et les caractères mesurés, prenant par exemple en compte :

- Les demandes sociétales en termes de bien-être animal, réduction des effluents (fécès, médicamenteux), robustesse, adaptabilité, qualité et composition des produits, etc... (reproduction avec accouplement au sol ou en cages collectives plutôt qu'en cages individuelles avec utilisation de l'insémination artificielle, résistance aux pathogènes,...).
- Les évolutions des techniques : phénotypage avec identification des individus par puce RFID, prise automatisée de données de poids et/ou de consommation d'aliment, analyses d'images automatisées, réassignation de parenté par typage de l'ADN (microsatellites ou SNP), données de génotypage pour la sélection génomique, etc..

Afin de pouvoir gérer ces nouveaux types de données, il a été nécessaire de modifier en profondeur les logiciels InfAvi et InfAqua, incluant :

- de nouvelles structures d'enregistrement de la généalogie,
- l'adaptation aux données répétées,
- l'identification et saisie des échantillons transmis en plaque,
- la quantification en nombre et surface de nouveaux caractères par analyse d'image.

En 2017, de nouvelles versions d'InfAvi (V9) et d'InfAqua (V9) ont été développées et/ou déployées sur le terrain en respectant la chronologie des étapes suivantes :

- Elaboration d'un cahier des charges,
- Interactions avec le prestataire et réalisation d'une version "bêta",
- Test de chacune des fonctions par le SYSAAF et interactions en feed-back avec le prestataire pour résoudre les problèmes,
  - Mise en place et testage approfondi sur un site pilote pour une utilisation sur le terrain,
  - Interactions avec le prestataire et préparation d'une version "terrain",
  - Installation chez l'ensemble des adhérents
  - Organisation de sessions de formation aux nouvelles fonctionnalités d'InfAvi vont être organisées au 1er trimestre 2018.

La version d'InfAvi V9.1.1 initialement déployé sur le terrain chez l'ensemble des adhérents a fait l'objet de multiples versions intermédiaires permettant de corriger les nombreux dysfonctionnements, généralement mineurs, résultants des spécificités d'organisation de chaque adhérent. La version V9.9.1 d'InfAvi a priori stable a été finalisée fin 2017 et déployé début 2018. Des sessions de formation aux nouvelles fonctionnalités d'InfAvi ont été organisées au cours du 1er trimestre 2018.

## **B - Chaîne commune de traitement des données (KOALA)**

Comme pour les outils précédents, il n'existe pas d'outil commercialement disponible permettant d'organiser le traitement des données (indexation et accouplements raisonnés) et les scientifiques en charge de ces traitements utilisent le plus souvent des procédures développées spécifiquement à l'aide de langages tels que R ou SAS, associées à la manipulation de nombreux fichiers qui est la fois très chronophage et source d'erreurs. Pour y pallier, une chaîne de traitement des données "KOALA" commune aux secteurs avicoles et aquacoles [Traitement KOmmun des données de sélection Avicoles et Aquacoles], a été développée spécifiquement pour les besoins des ingénieurs généticiens du SYSAAF. Cette chaîne intègre un pack logiciel avec une interface commune communiquant avec les bases de données InfAvi et InfAqua, qui diffèrent très sensiblement, adossée à une base de données propre à KOALA. KOALA est opérationnelle depuis fin 2013 (V1.01), néanmoins de nombreux développements sont effectués chaque année pour l'adapter aux spécificités de l'ensemble des adhérents du SYSAAF et répondre aux nouveaux besoins, ou encore pour en accroître les fonctionnalités et/ou l'efficacité afin de rationaliser nos activités.



Concrètement, la chaîne de traitement des données "KOALA" (V1.85) permet de préparer les fichiers d'entrée (pedigrees, données brutes et transformées, paramètres) aux formats spécifiques, nécessaire pour utiliser les différents programmes d'indexation et d'accouplements raisonnés utilisés au SYSAAF (PackOptiVar). Elle permet également d'y intégrer en retour les index génétiques, les listes de candidats choisis ou les plans d'accouplements résultant de l'utilisation de ces logiciels. Les opérations sont tracées, chaque collaborateur a donc la possibilité de consulter toutes les informations relatives aux différents traitements réalisés sur les données à chaque génération pour toutes les lignées.

Les nouvelles fonctions régulièrement développées sont soit intégrées dans le soft de la chaîne de traitement par notre prestataire, ou couplées, sans y être intégrées, selon qu'elles affectent ou pas l'architecture global de la chaîne. Cette possibilité de développement partagé entre une société de services informatiques et les ingénieurs du SYSAAF, permet donc à ces derniers de créer et d'ajouter des actions et des suites d'actions (scénarios) dans KOALA sans l'intervention recourir à un intervenant extérieur et donc de s'adapter très vite à des besoins particuliers. En 2017, dans cette chaîne et mis à disposition des ingénieurs généticiens du SYSAAF pour la réalisation des analyses génétiques.

En 2017, KOALA a connu de nombreuses évolutions destinées à diversifier les outils et les logiciels avec le couplage de multiples scénarii développés en interne après réalisation d'un travail de recherche, l'intégration dans la nouvelle version mise en place (V 1.85) d'améliorations dont les principales ont eu pour but :

- une rapidité accrue d'exécution des statistiques et la création d'outils de visualisation permettant d'optimiser la fiabilité des traitements et choix, associé à un meilleur confort d'utilisation,
- l'intégration d'interfaces avec de nouveaux programmes d'évaluation génétique, dont en particulier ASREML, Wombat et TM, ainsi que d'évaluation génomique.

#### **a - Evolution de la chaîne d'évaluation génétique :**

Au cours de l'année 2017, plusieurs nouveaux logiciels d'analyse génétique ont été intégrés dans cette chaîne grâce au travail de collaboration entre le SYSAAF et la société HIZKIA. Avant d'être intégrés, les ingénieurs du SYSAAF procèdent à une recherche bibliographique afin d'identifier les logiciels disponibles au regard de leur problématique et les testent comparativement avec une rigueur scientifique sur des jeux de données variées afin d'évaluer la pertinence des résultats en fonction de la nature des jeux de données. Selon, les résultats de ces tests et l'intérêt pour le SYSAAF, ceux-ci sont ensuite intégrés ou non après un travail d'adaptation fonctionnelle et de réécriture dans un langage compatible pour son intégration la chaîne de traitement.

Ainsi **ASREML**, un logiciel permettant de traiter les données de sélection à variation continue, y a été intégré. Ce logiciel a pour caractéristiques la capacité à modéliser de diverses structures de (co)variances permettant ainsi d'avoir des estimations de paramètres et de valeurs génétiques d'une meilleure précision grâce à l'utilisation de la matrice d'information moyenne (Average Information Matrix) dans son algorithme d'estimation par maximum restreint de vraisemblance (Gilmour et al., 1995). Cette amélioration de la précision se traduit par un meilleur gain et un meilleur niveau de progrès génétique (Falconer and MacKay, 1996). ASREML est désormais disponible dans la chaîne KOALA ce qui facilite la prise en compte par les ingénieurs généticiens du SYSAAF, de la diversité des schémas de sélection des différentes populations et différentes espèces animales dans les analyses qu'ils réalisent au quotidien.

Cette diversité des schémas de sélection nécessite également l'utilisation de logiciel d'analyse disposant de multiples méthodes d'estimation des paramètres et des valeurs génétiques. **Wombat** (Meyer, 2012), un autre logiciel qui a été intégré dans la chaîne KOALA en 2017, se caractérise quant



à lui par une diversité de modèles d'analyse très importante. Wombat permet de réaliser des modèles mono- ou multi-caractères pour des données de sélection associées à l'individu auteur de la performance, au père de l'individu auteur de la performance ou bien à la famille de cet individu (*i.e.* le couple père - mère). Ces modèles peuvent être réalisés dans le cadre d'une analyse de variance (Meyer, 1991) ou d'une régression aléatoire (Jamrozik and Schaeffer, 1997). Une des caractéristiques les plus importantes de WOMBAT est la grande gamme d'algorithmes d'estimation qu'il propose aux utilisateurs. Grâce à cette gamme diverse d'algorithmes, même les modèles d'analyse les plus complexes peuvent être appliqués aux jeux de données les plus volumineux avec fiabilité et précision.

Un 3<sup>ème</sup> logiciel important, **TM** (Legarra et al., 2011) qui permet d'analyser des données à variation discrète a également été intégré. Ce logiciel permet d'effectuer l'estimation, dans le cadre du modèle mixte, par une méthode Bayésienne, le Gibbs Sampling (Sorensen et al., 1995). TM est utilisé au SYSAAF depuis de nombreuses années, mais la grande nouveauté résultant de l'intégration de ce logiciel dans KOALA est qu'à partir de 2017, les ingénieurs généticiens peuvent l'utiliser pour l'analyse des données discrètes issues d'un schéma de sélection où les individus, candidats à la sélection, sont élevés collectivement par groupe de famille de père (*i.e.* demi-descendants) ou de famille de mère (*i.e.* plein-descendants). En d'autres termes, l'adaptation apportée permet d'utiliser des données collectées globalement sur des animaux apparentés élevés en cage collective.

### **b - Evolution de la chaîne d'évaluation génomique :**

En l'état actuel, l'évaluation génomique telle qu'elle est conduite au SYSAAF, est subdivisée en deux étapes.

La première consiste en :

- La vérification de la cohérence entre la généalogie enregistrée à la naissance des individus et celle établie grâce aux génotypes des individus (*i.e.* détection des incohérences mendéliennes). Afin d'effectuer cette vérification, les généticiens du SYSAAF utilisent l'outil '**PEDIGCHK**' (Rossoni et al., 2015). En vue de rendre l'utilisation de cet outil opérationnel en routine dans le contexte d'activité du SYSAAF, une analyse a été conduite en concertation entre les acteurs concernés pour élaborer une stratégie. Plusieurs scripts ont ensuite été développés, intégrés dans la chaîne génomique et testés et modifiés si nécessaire pour que le pipeline réponde aux besoins opérationnels. Un premier script développé permet de mettre à jour le sexe des individus par rapport aux informations stockées dans la base de données SYSAAF. Une fois que le sexe est mis à jour, un deuxième script met la généalogie des individus en format acceptable par **PEDIGCHK**.

- L'imputation des données génomiques ou des génotypes manquants. Ce processus est réalisé en utilisant le logiciel **FIMPUTE** (Sargolzaei et al., 2014). Le principe de ce logiciel est basé sur le principe de la fenêtre glissante qui consiste à comparer, entre une paire d'individus, des régions chromosomiques (*i.e.* haplotypes) chevauchantes afin de détecter la ressemblance entre individus apparentés. Les ingénieurs du SYSAAF ont également développé plusieurs scripts autour de ce logiciel (non accompagnés de publication). Un premier script permet d'automatiser la mise en format acceptable des génotypes, l'écriture du fichier qui pilote ce logiciel, le lancement du logiciel et la récupération des résultats de l'imputation des données génomiques à haute densité. Un deuxième script développé permet de remettre les génotypes imputés (*i.e.* génotypes complets) à leur format initial nécessaire pour l'enchaînement des étapes dans la chaîne. Un troisième script a aussi été développé afin d'automatiser l'imputation des données génomiques à basse densité (plusieurs milliers de SNP) à partir de données génomiques de haute densité (plusieurs centaines de milliers de SNP). Cette étape est indispensable car elle permet la réalisation d'une économie importante au niveau des coûts de génotypage. Dans les schémas classiques de sélection génomique, seuls les parents des candidats à la sélection (plusieurs centaines) sont génotypés sur



une puce haute densité. Les candidats eux-mêmes (plusieurs milliers) sont génotypés sur une puce basse densité. L'économie mentionnée ci-avant se réalise grâce à la prédiction des génotypes, manquant chez les candidats, à partir des génotypes de leurs parents.

- La mise en forme des données génomiques de manière à ce qu'elles soient acceptables par les logiciels d'analyse et d'évaluation génomique. Cette tâche est conduite grâce un script spécifique basé sur les outils du système d'exploitation LINUX disponible sur les serveurs du SYSAAF. Le développement de ce script a été pris en charge par les ingénieurs du SYSAAF.

L'ensemble des scripts développés en interne par les ingénieurs SYSAAF vise à harmoniser les formats de fichiers requis par les différents outils génétique et génomique en vue d'en automatiser l'utilisation mais aussi de pouvoir les intégrer dans une chaîne homogène donnant des résultats reproductibles sans faille.

La deuxième réalisée dans KOALA consiste en :

En 2017, trois logiciels majeurs du pack F90 (Misztal et al., 2002) ont été intégrés dans la chaîne KOALA. La caractéristique la plus importante et la plus connue de ce pack de logiciel c'est qu'il permet de tenir compte de/d'intégrer les données génomiques (i.e. les génotypes des individus) dans l'évaluation génétique (i.e. évaluation génomique) dans le cadre de la méthode de Single-Step (Legarra et al., 2014).

L'intégration des outils génomiques dans les schémas de sélection avicole n'a commencé que récemment. De ce fait, sur les générations les plus récentes, les sélectionneurs disposent des génotypes et des pedigrees établis à la naissance des animaux alors que sur les générations datant d'avant cette intégration, seul le pedigree est disponible. L'intérêt de la méthode de Single-Step c'est qu'elle permet de combiner, dans une seule matrice, les coefficients d'apparentement calculés à partir du pedigree (i.e. théoriques) ainsi que ceux calculés à partir des génotypes (i.e. les vrais). Ensuite, cette matrice, appelée H, est utilisée dans la procédure BLUP (Henderson, 1975) afin d'estimer les valeurs génétiques des phénotypes indexés.

L'information génomique permet de corriger les potentiels erreurs du pedigree à posteriori ainsi que d'améliorer encore davantage le gain génétique à travers l'amélioration de la précision de l'évaluation génétique et/ou le raccourcissement de l'intervalle de génération (Yoshida et al., 2018). Cette information a également pour intérêt de donner aux sélectionneurs la capacité d'intégrer dans leurs schémas de sélection des caractères létaux et/ou des caractères dont il n'existe pas de méthode de phénotypage systématique facile à mettre en œuvre (e.g. la résistance aux maladies, la qualité de la viande..., etc.). Désormais, les généticiens du SYSAAF peuvent se servir du logiciel **RENUMF90** (Misztal et al., 2002), intégré dans KOALA, afin de préparer les fichiers de données et de généalogie nécessaires à la réalisation de l'évaluation génomique. Ils peuvent réaliser cette évaluation, dans le cadre de KOALA, grâce au logiciel **REMLF90** (Misztal et al., 2002) pour l'estimation simultanée des paramètres et des valeurs génétiques ainsi que les mesures de précision (e.g. erreur d'estimation et erreur de prédiction) associées à ces estimations. Ce logiciel permet de réaliser l'analyse par la méthode EM-REML mais aussi par la méthode AI-REML. Dans les cas où les paramètres génétiques sont déjà disponibles grâce à des analyses antérieures, les généticiens du SYSAAF peuvent utiliser le logiciel **BLUPF90** (Misztal et al., 2002) pour l'estimation des valeurs génétiques et des mesures de précision qui y sont associées directement sans passer par l'étape d'estimation des composantes de (co)variance. La mise en œuvre de la méthode de Single-Step sur les données des sélectionneurs adhérents du SYSAAF est souvent faite grâce à ce dernier logiciel.

### c - Logiciels de gestion des choix des candidats et des plans d'accouplements (Suite logiciel du PackOptiVar)

Le SYSAAF dispose depuis 2012 d'une suite logiciel identifié sous le terme de **PackOptiVar** destinés à la réalisation du choix des reproducteurs ainsi qu'à la réalisation des plans





d'accouplement entre les reproducteurs sélectionnés (Chapuis et al., 2014). Cet ensemble d'outils est basé sur l'algorithme de *Recuit Simulé* (Kirkpatrick et al., 1983). L'intérêt de cet algorithme c'est qu'il permet de résoudre les problèmes d'optimisation avec de multiples contraintes. L'outil **OptiChoix**, créé au SYSAAF, est utilisé afin d'optimiser le choix des futurs reproducteurs. Il permet simultanément de 1) maximiser l'index de sélection défini en fonction des objectifs de sélection fixés par les sélectionneurs, 2) stabiliser les phénotypes ayant de l'importance mais qui ne faisant pas forcément partie de l'index principale, 3) imposer une contrainte sur la parenté moyenne entre les animaux sélectionnés de manière à limiter autant que possible l'augmentation de cette parenté et la diminution de la variabilité génétique, c.a.d en gérant l'évolution de la consanguinité.

En 2017, plusieurs outils ont été créés en interne au SYSAAF dans l'environnement d'**OptiChoix** dans l'objectif de simplifier la validation des choix effectués et donc d'optimiser et fiabiliser le processus. Une application Web (**Visual-PropSel**) a ainsi été créée et testée. Accessible uniquement aux généticiens du SYSAAF, elle permet d'examiner les résultats d'un choix de manière visuelle qu'il s'agisse du gain génétique potentiel, de la diversité génétique ou de la diversité phénotypique.

Un deuxième outil (**Compare-PropSel**), complémentaire du précédent a été créé. Il permet de comparer plusieurs stratégies de sélection en générant des tableaux numériques comparatifs des données générées par **Visual-PropSel**, ainsi que des graphiques. Ceux-ci sont intégrés dans un rapport généré de manière automatique avec traçabilité des actions réalisées, associée à l'auteur du rapport. Cette comparaison permet aux généticiens du SYSAAF de proposer aux adhérents SYSAAF les stratégies de sélection qui génèrent le progrès génétique le plus important tout en contrôlant et en maîtrisant la variabilité génétique des populations sélectionnées. En fait, grâce à cette application Web, les généticiens du SYSAAF pour avoir accès non seulement au niveau d'apparement moyen entre les animaux sélectionnés mais aussi à une comparaison des origines familiales avant et après la sélection (*i.e.* comparaison du nombre des familles de pères et de mères pour la voie mâle et femelle chez les candidats ainsi que les sélectionnés).

Un troisième outil (**Graph-Evol**), également complémentaire, a été développé et validé en 2017 par les ingénieurs SYSAAF. Celui-ci permet le montage de graphes d'évolution génétique, ainsi que phénotypique pour n'importe quel caractère intégré dans n'importe quel schéma de sélection des espèces gérées par le SYSAAF. Cet outil se connecte à la base de données SYSAAF, récupère les données nécessaires et monte le graphe d'évolution.

Le cœur de ces applications Web a été développé en utilisant l'environnement d'analyse et de programmation **R** (R Core Team, 2014) et les packages **ggplot2** et **dplyr** (Wickham, 2009) ainsi que **doBy** (Højsgaard and Halekoh, 2018). Le package **Shiny** (RStudio, 2013) a été utilisé avant de concevoir les applications Web et de les déployer. L'ensemble de ces outils sont déployés sur un serveur Web installé sur un des serveurs du SYSAAF et accessible à tous les généticiens du syndicat. Ils permettent une fiabilisation des choix et un suivi de la traçabilité et sont mis à profit sur les 2 thématiques du SYSAAF.

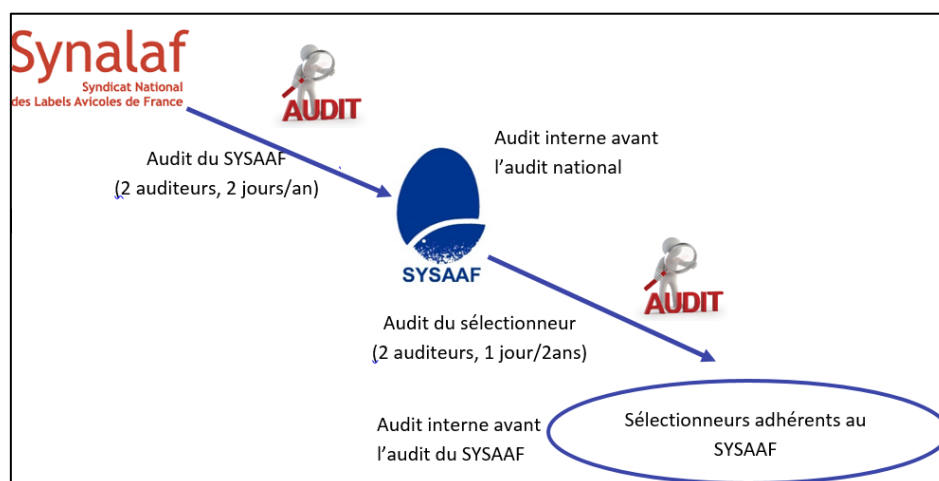


## IV - Autres missions et services du SYSAAF

### 4-1 Référentiel et Audits

Le règlement intérieur du SYSAAF stipule que pour être adhérent chaque sélectionneur doit avoir au moins une lignée conforme au référentiel RefAvi-SYSAAF « Mode de sélection des lignées et de production de reproducteurs parentaux avicoles » référence 14.1 du 23/05/2014. Depuis 2012, sous réserve de conformité, la fréquence des audits réalisés par le SYSAAF a été fixée, dans le cadre de la convention tripartite établie entre le SYNALAF, le SYSAAF, et les Organismes Certificateurs, à un audit tous les deux ans. Cette fréquence permet de respecter le délai triennal des audits des sélectionneurs définis dans les notices techniques « volailles fermières de chair Label rouge » et « œufs et poules fermières Label Rouge » en vigueur (INAO, 2012). Cette organisation permet de limiter le nombre d'audits auxquels les sélectionneurs sont soumis ; en l'occurrence un audit par le SYSAAF, au lieu de l'être individuellement pour chacun des 5 Organismes certificateurs (OC).

Ladite convention tripartite a toutefois été dénoncée par le SYNALAF fin 2017 (courrier adressé aux signataires le 13/11/2017), pour non-conformité aux exigences européennes. La prise d'effet interviendra dès que les nouvelles notices techniques auront été publiées par l'INAO. Dans la pratique rien ne changera pour les sélectionneurs et le haut niveau d'exigence restera maintenu. L'attestation de conformité au référentiel SYSAAF sera par contre contrôlée par les Organismes Certificateurs lors de leur audit annuel des couvoirs.



**Figure 24** : Nouvel organisation fonctionnelle des audits avicoles pour les productions Label Rouge.

**Tableau 10** : Seuils de référence d'effectifs minima de reproducteurs et de descendants à respecter dans le cadre d'une activité de sélection généalogique.

Diffusion	Effectifs minima de Reproducteurs Mâles	Effectifs minima de Reproducteurs Femelles	Effectifs minima de Descendants
Normale (Lignée Femelle)	30	150	1500
Limitée (*) ou Lignée Mâle	20	40	160
Groupe de reproduction (**)	½ NM	½ NF	½ EMD

(\*) Dispositions admises pour les lignées pour lesquelles moins de 10000 parentales femelles sont utilisées pour les croisements terminaux. Pour apprécier ces effectifs, la référence sera les effectifs de femelles et/ou mâles communiqué au SYSAAF par les sélectionneurs.

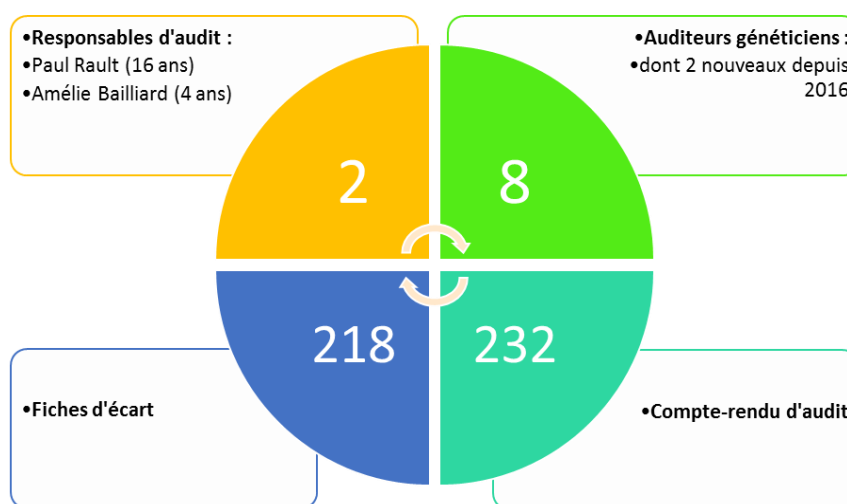
(\*\*) cas particulier des groupes de reproduction



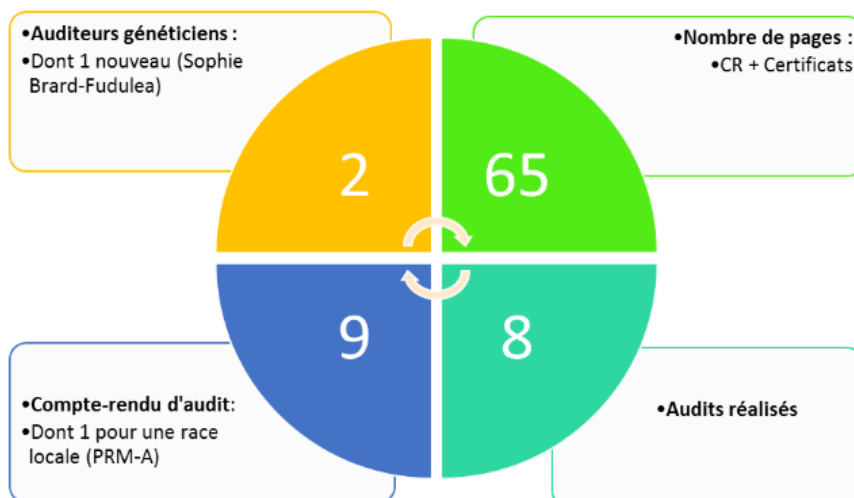
Suite à la réunion de bilan des audits 2017 du SYSAAF, qui s'est tenue le 26 janvier 2018 dans le cadre de la convention tripartite SYNALAF-OC-SYSAAF, une évolution des seuils de référence des effectifs de candidats et descendants du référentiel RefAvi-SYSAAF proposée par le SYSAAF, a été validée. Cette proposition résulte d'une interrogation sur la pertinence de maintenir les seuils de référence des effectifs précédemment définis dans le référentiel RefAvi-SYSAAF, suite au développement de nouveaux outils de choix (Pack OptiVar) et leur utilisation en routine au sein du SYSAAF. Un important travail de simulation des effets de la réduction des effectifs d'animaux en sélection sur la variabilité génétique a été réalisé par Monsieur Nabeel Alnahhas et a fait l'objet de communications scientifiques (Alnahhas et al., 2017). Après discussion des résultats, les propositions de nouveaux effectifs seuils ont été validées par les auditrices généticiennes nationales, Mesdames Elisabeth Le Bihan-Duval et Sandrine Grasteau de l'INRA (Tableau 9).

L'intervalle de génération seuil maximal reste inchangé avec une durée de 24 mois pour toutes les espèces sauf pour les pigeons, perdrix grises et perdrix rouges (30 mois) et les oies (36 mois). Ces nouveaux seuils sont en cours d'intégration dans une nouvelle version du référentiel RefAvi-SYSAAF et pris en compte dans l'évaluation de la conformité des lignées pour tous les audits réalisés à compter du 2 Février 2018.

Les audits en quelques chiffres depuis 1999 :



Les audits en quelques chiffres en 2017 :



## 4-2 Prestations et/ou Services adhérents et externes

La validité de l'agrément du SYSAAF pour le "Crédit Impôt Recherche" (CIR) étant à échéance fin 2017, une demande de renouvellement de cet agrément a été transmise par le SYSAAF au cours du 4<sup>ème</sup> trimestre 2017 au service du Ministère en charge de la Recherche. Cette demande a été validée et l'agrément renouvelé pour une période de 5 ans (2018-2022), aussi les adhérents, ou autres acteurs soumis à l'IS, peuvent-ils continuer à bénéficier de cet avantage pour l'ensemble des factures concernant des travaux de recherche et développement émises par le SYSAAF. Il convient qu'ils puissent néanmoins faire état de dépenses en interne pour un montant correspondant à au moins 30% du montant global déclaré pour le programme concerné.

Diverses prestations sont réalisées par les agents du SYSAAF pour les adhérents, le plus souvent dans un cadre confidentiel. Par ailleurs, le SYSAAF coordonne et/ou réalise les opérations de sauvegarde de ressources biologiques, par congélation de semences et/ou de larves pour un stockage en cryobanque. Le service technique aquacole propose également des analyses de ploïdie en cytométrie de flux (Annexe 9) et de challenges à des pathogènes (Plateforme Fortior-Genetics). En 2017, le SYSAAF a également réalisé des prestations d'audit et d'appui technique à la conduite de la sélection pour des entreprises étrangères. Outre les conséquences positives en termes financiers, ces implications nous confrontent au marché international de la prestation et résultent en l'acquisition de compétences sur de nouvelles espèces pouvant être mises à profit ultérieurement.

## 4-3 Service analyse de ploïdie chez les espèces aquacoles

Ce service permet aux adhérents du secteur aquacole, non équipé d'un cytomètre en flux, de valider le niveau de ploïdie de leurs lots de production, c.à.d. le plus souvent qu'ils sont triploïdes et donc stériles. En 2017, le service d'analyse de ploïdie au SYSAAF a été sollicité par 4 adhérents pour environ 7500 individus, représentant 131 heures de travail cumulé (Annexe 9). Les échantillons analysés restent majoritairement des alevins (94% des analyses), le reste des analyses concernant des œufs (6%). La totalité des tests est réalisée pour des salmonidés d'eau douce, avec une majorité de truites arc-en-ciel.

## 4-4 Service d'appui à la réalisation de génotypage et séquençage

Ce sont aujourd'hui des 10<sup>aine</sup> de milliers de génotypages qui sont pour les adhérents du SYSAAF pour de l'assignation de parentés (Espèces aquacoles et avicoles), la quantification de taux d'hybridation (Gibiers avicoles), l'estimation de la diversité génétique (Espèces aquacoles et avicoles), la détection de gènes indésirables (Espèces avicoles) et la sélection génomique (Espèces aquacoles et avicoles). Ces génotypages, dont les données sont majoritairement traitées par le SYSAAF. Au-delà de ces données quantitatives, l'investissement du SYSAAF dans le développement de la génomique chez nos espèces est évoqué plus en détails par ailleurs (Cf. chapitre 3-2).

## 4-5 Service de formation professionnelle et enseignements dispensés

Le SYSAAF dispose d'un agrément pour assurer des formations (N° d'agrément auprès du Préfet de la Région Centre : 24 37 0258 537) et répond à des sollicitations d'adhérents ou externes en organisant des formations professionnelles spécifiques ou collectives (Annexe 6). Une journée technique aquacole a également été organisée par le SYSAAF en 2017 (Annexe 13), alors qu'une journée équivalente a été organisée par AGENAVI pour les acteurs avicoles.

Les agents du SYSAAF sont également impliqués dans différents programmes d'enseignements universitaires : Université de Tours [M Boulay (Master 1), B Desnoues (Master 1), N. Alnahhas (Master 2)] ; BordeauxSciencesAgro [D Guémené, S. Brard, P Haffray] ; AgroCampusOuest [P Haffray] ; AgroSupDijon [N. Alnahhas]. Les agents du SYSAAF sont également régulièrement sollicités en tant que membre de jurys (Habilitation à diriger les recherches, Thèses, Diplômes d'Ingénieur,





Master) et de comités de thèse. Par ailleurs, outre l'accueil de stagiaires de niveaux master, le SYSAAF avait 2 salariés en thèse CIFRE fin 2017 et deux autres devraient être recrutés en 2018.

Depuis 2012, D. Guémené est également tuteur dans le cadre des formations Better Training for Safer Food (BTSF) SANCO Training destinées aux autorités compétentes des pays européens et organisées à l'initiative de la Commission Européenne qui les finance. L'objectif est que les autorités compétentes des pays européens concernées par la mise en application des textes réglementaires au sein des états membres, comme les directives dans le domaine du bien-être, en aient une vision harmonisée. Les 2 formations pour lesquels D. Guémené est tuteur concernent les volailles : "Animal Welfare concerning laying hens production" et "Animal Welfare concerning broiler production".

Aucune session de formation n'a toutefois été organisée en 2017, mais elles sont reconduites à compter de 2018 et le consortium pour lequel D. Guémené assure ces tutorats a été reconduit pour l'organiser

#### **4-6 Communication**

La communication des résultats des programmes expérimentaux pour lesquels nous avons bénéficiés de financements publics est une obligation contractuelle, mais au-delà de cette obligation, il est crucial pour le SYSAAF de communiquer auprès de ses adhérents et autres partenaires afin que les résultats acquis soient transférés et valorisés au mieux. Dans ce contexte, ils sont entre autres présentés lors de congrès et journées techniques destinés aux professionnelles, mais également dans des congrès scientifiques et/ou des articles scientifiques publiés dans des revues à comité de lecture. Une liste non-exhaustive d'environ 90 citations consistant en des articles scientifiques et des communications faites lors de congrès internationaux, de journées scientifiques et de réunions techniques, est jointe en annexe de ce document (Annexe 4).

Les mensuels de la presse professionnelle avicole et aquacole (Filières Avicoles, Réussir Aviculture et Aquafilia) ont comme par le passé contribué à informer les filières concernées des activités du SYSAAF, au travers d'articles et d'entrefilets, concernant nos activités ou le personnel.

Une communication plus directe répondant à des besoins spécifiques est assurée auprès de nos adhérents lors de réunions ou sous la forme de courriels individualisés ou collectifs. Des réunions techniques, destinées à faire des bilans et une réflexion prospective des programmes de sélection, sont également organisées à la demande avec nos adhérents, le plus souvent annuellement. Celles-ci sont toujours l'occasion d'échanges fructueux pour les deux parties et impliquent plusieurs représentants du SYSAAF et de chez nos adhérents.



## V - Partenariats du SYSAAF

Les partenariats du SYSAAF peuvent être classés selon trois typologies : Institutionnels, Recherche et développement, Professionnels des filières et autres acteurs privés.

### 5-1 Les partenariats institutionnels

Nos interactions avec différentes Directions du Ministère en charge de l'Agriculture (MAA) sont régulières, en particulier avec le Bureau de la Sélection Animale (DPGE - Direction Générale de la Performance Economique et Environnementale des Entreprises). Des interactions institutionnelles fortes avec ce bureau s'inscrivent entre autres dans le contexte de notre participation aux CNAG Générales, inter-espèces et scientifiques (Commission Nationale d'Amélioration Génétique). Les propositions de répartition du soutien financier de l'enveloppe «Soutien à la génétique animale» attribué annuellement aux structures impliquées dans la réalisation du programme CASDAR 775 "Programme pluriannuel du Progrès Génétique Animal CASDAR 2014-2020" (IDELE, IFIP, SYSAAF, Cryobanque Nationale) fait en particulier l'objet d'un avis de cette instance. Pour mémoire, ce soutien financier est prélevé sur des fonds CASDAR (Compte d'Affectation Spéciale de Développement Agricole et Rural) et sa mise en paiement assurée dans le cadre d'une convention annuelle spécifique signée avec FranceAgriMer. Ce financement est justifié par le fait que le SYSAAF est responsable de la mise en œuvre de la politique nationale de gestion des ressources génétiques, au travers de l'action élémentaire 3 " Gestion optimisée du Patrimoine Zoogénétique d'Espèces Avicoles et Aquacoles". Le SYSAAF exerce cette mission, définie en cohérence avec les objectifs du Programme national de développement agricole et rural (PNDAR), par délégation de responsabilités de la part de l'ITAVI, après avis favorable de la CNAG (Commission Nationale d'Amélioration Génétique), placée sous l'égide des services du Ministère en charge de l'Agriculture (DGPE - BLSA [Bureau du Lait, des Produits Laitiers et de la Sélection Animale]), conformément aux dispositions de l'arrêté du 31 juillet 2007. La délégation en cours, validée lors de la CNAG du 12 Déc. 2012, concerne la période 2013-2017. Celle-ci venait donc à échéance fin 2017 et son renouvellement a été sollicité et autorisé pour la période 2018-2022, après un avis favorable de la CNAG du 13 mai 2017. La liste des espèces (Tableau 2) auxquelles s'applique cette délégation d'activité, validée en même temps, a été complétée afin que soit bien identifiées les démarches de domestication et de sélection en cours pour plusieurs nouvelles espèces aquacoles, notamment afin d'anticiper les implications éventuelles des modalités de mise en application de la Loi sur la Biodiversité, couplée à la mise en place de l'APA, tant à l'échelle nationale, qu'au niveau Européen.

Concernant les espèces avicoles, le SYSAAF poursuit son implication sur le dossier relatif à la sauvegarde des races locales de volailles, en concertation avec le Bureau des Actions Territoriales et Agroenvironnementales (BATA) de la DPGE. Après activation d'actes délégués, dans le cadre des MAE du 2nd pilier de la PAC, l'objectif est de favoriser la mise en application effective sur le terrain des 2 mesures de la PRM-A ouverte en faveur des associations impliquées dans l'appui à la sauvegarde de ces races et au développement de micro-filières courtes. Certaines Régions vont mettre en application la PRM-A, d'autres qui ne l'avaient pas encore fait vont activer la mesure à l'occasion de la révision de leur PDR, mais d'autres pas ; enfin au moins une Région qui l'a activée ne va pas la mettre en application, préférant lui substituer une aide régionale. Il est actuellement difficile d'apprécier les implications concrètes que pourra avoir ce dispositif sur la sauvegarde des races locales au niveau national, mais la régionalisation des financements dans le cadre du FEADER est à ce sujet préjudiciable.

### 5-2 Les partenariats avec les organismes de Recherche et de Développement

Nos interactions avec les acteurs de la recherche et plus globalement avec les organismes dont ils dépendent sont nombreuses et indispensables à la complétude de nos missions. Elles s'inscrivent



en particulier dans le cadre de la co-construction de projets qui résultent en de nombreuses collaborations dans des programmes de recherche et développement.

L'INRA (Institut National de la Recherche Agronomique) est au premier rang de ces partenaires. Les synergies avec l'INRA sont nombreuses et facilitées en raison de l'existence d'un contrat cadre de collaboration (Convention en cours de signature) et de nombreuses conventions spécifiques. A ce titre, les hébergements des agents du SYSAAF au sein de locaux d'unités de recherches INRA, en l'occurrence dans ceux de l'URA (Unité de Recherches Avicoles) sur le Centre INRA Val de Loire et ceux de l'unité LPGP (Laboratoire de Physiologie et Génomique des Poissons) sur celui de Rennes, font l'objet de conventions spécifiques pour l'hébergement et l'appui logistique. En outre, l'INRA met aussi actuellement Daniel Guémené, Directeur de Recherches du Département PHASE, à la disposition du SYSAAF pour en assurer la direction. Néanmoins, cette mise à disposition sera facturée au SYSAAF à compter du 1<sup>er</sup> Janvier 2019.

Inversement, Clémence Fraslin et Jonathan d'Ambrosio, recrutés en CDD par le SYSAAF pour réaliser une thèse dans le cadre de contrat CIFRE, sont actuellement accueillie au sein de l'unité GABI à Jouy-en-Josas. Deux autres demandes de financements ont été sollicitées auprès de l'ANRT dans le cadre du dispositif CIFRE en 2017 et il est escompté que les candidats, Ronan Griot et Marion Charrier, soient recrutés au cours du 1<sup>er</sup> semestre 2018.

La thèse de Ronan Griot s'inscrit dans le cadre du programme de recherche GeneSea coordonné par l'Ifremer et plus globalement dans le cadre d'un contrat de partenariat signé entre l'Ifremer et le SYSAAF en 2013. Plus globalement, comme pour l'INRA, ces collaborations avec les chercheurs d'Ifremer légitiment et confortent le rôle facilitateur du SYSAAF dans le transfert des résultats de la recherche vers les professionnels des secteurs concernés, c'est-à-dire les secteurs piscicoles marins, conchylicoles et crevetticole. Cet engagement réciproque permet ainsi aux chercheurs d'Ifremer de se recentrer sur des champs d'activité relevant plus strictement de la recherche, sans pour autant nuire à la valorisation de leurs résultats plus finalisés. Celle de Marion Charrier s'inscrit quant à elle dans le cadre d'un partenariat avec l'InterProChasse et implique des chercheurs du CNRS de l'Université de Rennes 1, l'INRA et de l'IMPCF.

Comme avec l'INRA et l'Ifremer, une convention de partenariat a été finalisée avec l'Anses. Dans ce contexte, une salariée travaillant précédemment en CDD pour le SYSAAF, Yoannah François a été recrutée en CDI par le SYSAAF au cours du 1<sup>er</sup> semestre 2017 et mise à disposition de l'ANSES pour coordonner la mise en œuvre de la plateforme expérimentale Fortior-Genetics, localisée sur le site de Plouzané au sein de l'Unité Anses de Pathologie Virale des Poissons. Cette plateforme offre un service aux structures de sélection des filières piscicoles et l'ingénieure coordonne et participe à la mise au point et à la réalisation de challenges de résistance à des pathogènes pour les espèces aquacoles.

Concernant les relations avec l'ITAVI, outre le renouvellement de la convention de délégation qui a été signée entre l'ITAVI et le SYSAAF en 2017, le SYSAAF a également une convention générale de collaboration avec l'ITAVI. Il est également représenté au sein du Conseil Scientifique de l'ITAVI, par l'entremise de son directeur. De surcroît, le SYSAAF est membre du dispositif partenarial UMT BIRD 3 - «Aviculture Système et Territoire», basé à Nouzilly, qui a été habilité en 2017. Outre le SYSAAF, ce dispositif implique quatre entités : l'Institut Technique de l'Aviculture (ITAVI), l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA) – avec 4 unités du Centre INRA Val de Loire (URA, UMR-PRC, UMR-ISP, UE-PEAT) et une unité du Centre INRA Nouvelle Aquitaine Poitiers (UE-EASM) et l'Institut Technique de l'Agriculture Biologique (ITAB). Les enjeux du nouveau programme (2017-2021) sont d'améliorer la durabilité des systèmes productifs avicoles, de renouer le dialogue avec la société et de renforcer les liens aux territoires, avec des bio-ressources locales.



Nos interactions avec d'autres partenaires du CNRS, du Muséum, de laboratoires universitaires, d'écoles d'ingénieurs, plus ponctuelles, donnent généralement lieu à des conventions particulières dans le cadre de programmes de recherche et/ou de prestations.

Le SYSAAF est également officiellement impliqué dans différentes instances d'orientation et de définition des priorités de la recherche comme le COS de la FRB, le DO d'AGENAE (Invité au CS), le CA et CS d'AGENAVI, le CS et le DO des GIS "Elevage Demain" et "Pisciculture Demain", le COT Santé et Bien-Etre Animal de l'Anses. Le SYSAAF est également impliqué dans les discussions relatives à la création d'un nouveau GIS, le GIS "Avenir Elevage", qui résultera de la fusion des GIS AGENAE 3 et "Elevage Demain".

L'opérationnalité du SYSAAF dans les processus d'innovation et de transfert est tributaire de partenariats avec des structures de développement spécialisées, constituant un réseau informel de plateformes techniques pour nos adhérents : Thermo-Fischer (Affymetrix) pour le développement de puces de génotypage, Labogena DNA, la Plateforme INRA Gentyane, ou encore l'entreprise Xelect pour le génotypage, les plateformes INRA @Bridge, Get-Plage et SIGENAE pour le séquençage et la bio-informatique, un laboratoire CNRS de l'Université de Montpellier pour du séquençage en Rad-Seq, la Cryobanque Nationale avec les sites de stockage de Maison-Alfort et Nouzilly (Espèces avicoles) ou de St. Aubin du Cormier (Espèces aquacoles) pour la cryopréservation, les dispositifs d'expérimentation de l'Unité Anses de Pathologie Virale des Poissons sur le site de Plouzané pour les challenges pathologiques en milieux confinés. Ces partenariats sont facilités par une implication dans les instances décisionnelles et/ou opérationnelles, ainsi que la signature de conventions de partenariat.

Nos interactions sont également importantes avec les nombreuses structures professionnelles et interprofessions aquacoles et avicoles, ou encore le Synalaf. Notre partenariat avec le Synalaf entre dans le cadre d'une convention tripartite Synalaf/Organismes certificateurs/SYSAAF qui avait été renouvelée en 2012, devrait évoluer en 2018 (Cf. Chapitre 4-1). Elle permet aux adhérents du SYSAAF une reconnaissance des lignées en conformité avec le Référentiel Avicole (RefAvi SYSAAF®) pour une utilisation dans le cadre des productions "Label Rouge", ainsi que pour certaines IGP.

Au niveau Européen, le SYSAAF est membre de l'EFFAB (European Forum for Farm Animal Breeding), organisation européenne regroupant des sélectionneurs de diverses espèces animales domestiques. Via l'EFFAB qui participe à la plateforme européenne FABRE-TP, il nous a été possible de contribuer à différentes démarches au niveau de l'Union Européenne, comme la définition de priorités scientifiques ou l'expression d'avis sur les rapports scientifiques rédigés sous l'égide de l'EFSA. Les interactions de R&D avec des organismes de recherche étrangers sont également croissantes, notamment dans le contexte de programmes de recherche bénéficiant de soutiens Européens.

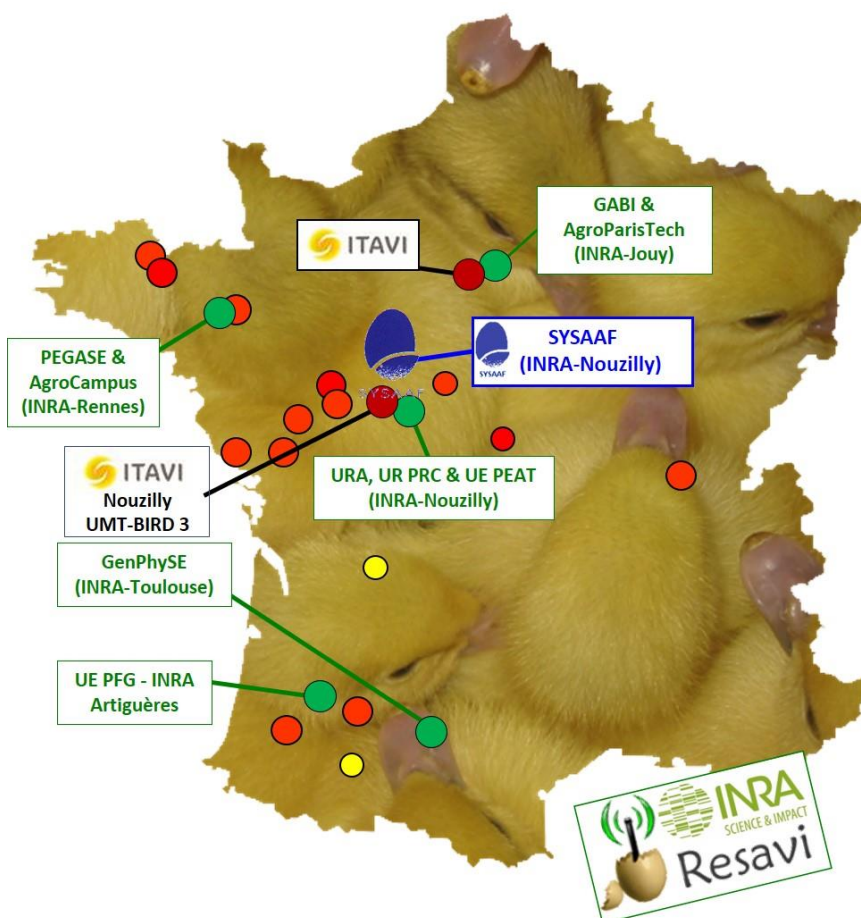
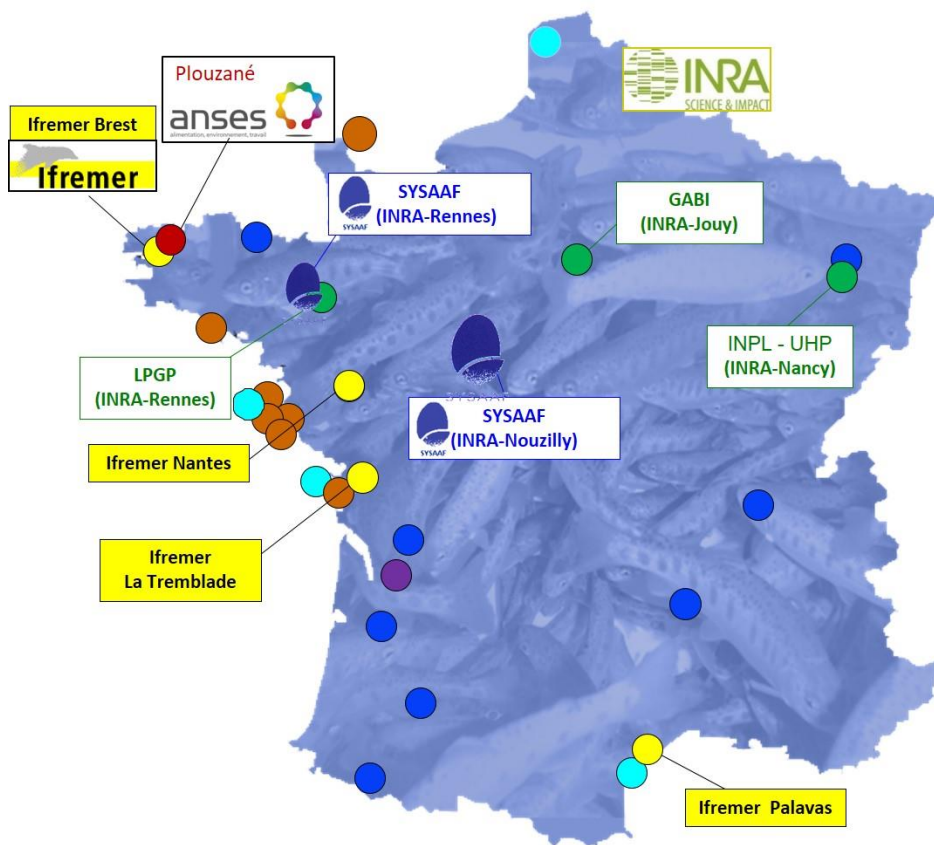
### **5-3 Les partenariats avec les partenaires du secteur privé**

Les adhérents du SYSAAF sont évidemment nos partenaires privilégiés, auxquels il faut adjoindre les des entreprises non-adhérentes auxquelles nous apportons des services de même nature. L'opérationnalité du SYSAAF dans les processus d'innovation et de transfert est par ailleurs largement tributaire de partenariats avec des prestataires spécialisés, constituant un réseau informel de plateformes techniques de service pour nos adhérents, des secteurs public et privé. Ces prestataires sont par ailleurs partenaires dans des projets de recherche. Le SYSAAF est par ailleurs membre de divers pôles de compétitivité : Pôle Aquimer, Pôle Mer Bretagne-Atlantique, Pôle Mer Méditerranée, Pôle Valorial et Pôle AgriSudOuest ; autant de pôles qui labellisent les projets que nous soumettons, lorsque les financeurs l'exigent. A titre d'exemples récent, les programmes RE-Sist et CanArray ont respectivement bénéficié de la labellisation par plusieurs des pôles précités.





**Figure 24 :** Unités INRA, Ifremer, Anses et ITAVI avec lesquelles le SYSAAF a eu des partenariats scientifiques significatifs dans les secteurs aquacole et avicole en 2017.



## VI - En résumé, quelques faits marquants de l'année 2017

Gérer le quotidien et anticiper l'avenir pour que le SYSAAF permette à ses adhérents de relever les défis futurs, tout en répondant au mieux à leurs besoins à court et moyen termes, tel est notre challenge sans cesse renouvelé. Quels qu'en soient les causes, il est vraisemblable que parmi les quelques faits marquants cités ci-après pour illustrer l'année 2017, certains d'entre-eux influenceront durablement le fonctionnement du SYSAAF.

### ➤ **Le SYSAAF victime de malveillances et d'escroqueries en cette année 2017 :**

Le samedi 11 mars 2017, le SYSAAF faisait l'objet d'une escroquerie sur son compte bancaire courant pour un montant d'environ 62K€. Les escrocs ont procédé à 6 virements sur 5 comptes différents, de montants compris entre 5 et 30K€. La banque a alors informé le SYSAAF, ainsi que les banques destinataires, et bloqué tous les comptes et toutes possibilités de transactions. Le SYSAAF a ensuite porté plainte pour vol et Daniel Guéméné pour usurpation d'identité. En effet, les escrocs avaient précédemment enregistré 13 RIB (9 mars), en utilisant son identité pour se faire attribuer une nouvelle carte SIM par Bouygues Telecom (8 mars), après avoir récupéré les coordonnées de son téléphone et accédé à sa ligne téléphonique pour récupérer les codes permettant de valider la démarche d'enregistrement des RIB. Le mystère reste entier quant à la méthode utilisée pour avoir accès aux données bancaires du SYSAAF et d'identité personnel. La démarche était le fait de professionnels et si l'enquête a permis d'identifier plusieurs intermédiaires, elle n'a en aucun cas permis celle des cerveaux. Depuis lors, le compte du SYSAAF a progressivement été recredité de la totalité des montants subtilisés et diverses mesures préventives ont été mises en œuvre en concertation avec la banque.

Au cours du 2<sup>nd</sup> semestre, le SYSAAF a cette fois été successivement, à plus de 20 reprises, l'objet de vols de bibelots, de clés d'armoires et du coffre-fort, de documents très ciblés liés aux expérimentations en biotechnologie de la reproduction, puis en octobre de malveillances avec en particulier la destruction de stocks de paillettes collectées dans le cadre du programme CRB-Anim. Deux plaintes ont là encore été déposées les 25 Aout et 24 octobre 2017 à la gendarmerie de Château-Renaud. On peut s'interroger sur les mobiles de ces actes délictueux, sachant qu'ils ont affecté essentiellement le secteur des biotechnologies de la reproduction et sont consécutifs à la reprise de ces activités par Mme Amélie Bailliard. Selon toutes apparences, l'auteur ou les auteurs avaient nécessairement une très bonne connaissance des dossiers en cours et des mesures de sécurité mises en œuvre au sein du SYSAAF. S'agit-il d'une vengeance, d'une manœuvre d'harcèlement moral pour écarter successivement les salariés SYSAAF impliqués sur cette thématique ? Les enquêtes sont toujours en cours et depuis lors diverses mesures préventives ont été mises en œuvre en concertation avec l'INRA.

Nous ne pouvons donc qu'espérer une année 2018 plus sereine...

### ➤ **Un nouveau statut fiscal pour le SYSAAF :**

Le statut légal du SYSAAF est celui d'un Syndicat professionnel, c'est-à-dire celui d'une association à but non lucratif qui était partiellement soumis à la TVA, mais non soumis à l'impôt sur les sociétés (IS), non plus qu'à diverses autres taxes associées, jusqu'en 2017. Si ce statut fiscal apparaît attrayant, il ne permet toutefois pas de solliciter et donc de bénéficier du Crédit Impôt Recherche (CIR), alors que la plus part des activités conduites par le SYSAAF peuvent y donner lieu. Après en avoir analysé les implications, l'opportunité de fiscaliser le SYSAAF avait été discutée avec adhérents lors de l'Assemblée Générale 2016 qui avait laissé au Conseil d'Administration le soin de décider. In fine, le dossier du SYSAAF a été soumis dès 2017 pour instruction par les services fiscaux qui ont



indiqué qu'une partie des activités du SYSAAF, si ce n'est la totalité, relevait bien de l'imposition. Fort de ce constat, le service administratif du SYSAAF a donc transmis en 2017 aux services fiscaux une liasse fiscale et constitué une demande de Crédit Impôt Recherche avec l'appui d'un cabinet conseil. Les projections laissent escompter un résultat positif.

➤ **L'INRA renouvelle la mise à disposition de M. Daniel Guémené en tant que directeur du SYSAAF, mais à titre onéreux à compter du 1<sup>er</sup> Janvier 2019 :**

Cette décision permet à l'INRA de répondre aux injonctions de la Cour des Comptes, mais contraint le SYSAAF à rechercher des sources de financements alternatives au cours de l'année 2018 pour y pallier.

➤ **Une reconnaissance des compétences et activités du SYSAAF par le Ministère en charge de l'Agriculture attestée par :**

L'augmentation du soutien financier au SYSAAF dans le cadre du programme CASDAR-775 (Enveloppe Génétique), pour la réalisation de l'action élémentaire 3 "Gestion du patrimoine zoogénétique et de la biodiversité d'espèces avicoles et aquacoles" qui s'inscrit dans le Programme Génétique Animale, du Programme National de Développement Agricole et Rural (PNDAR - "Programme pluriannuel du Progrès Génétique Animal CASDAR-775 [2014-2020]", dans un contexte globale de stabilité du montant global de l'enveloppe disponible, atteste à nos yeux d'une reconnaissance de l'importance du rôle du SYSAAF par les services du Ministère. Cette évolution résulte comme en 2016 d'une prise en compte partielle des recommandations d'un audit réalisé par le cabinet Proteis+ à la demande du Ministère en charge de l'Agriculture. Néanmoins, le montant du financement accordé au SYSAAF, correspondant à environ 5% de l'enveloppe globale, reste encore sans rapport avec le chiffre d'affaire des filières avicoles et aquacoles (> à 20%), à la contribution de nos secteurs d'activités à l'excédent de la balance commerciale de la génétique animale, au nombre d'emplois directs et indirects générés, ou encore à la production et à la consommation des productions.

L'avis favorable de la CNAG (13 Mai 2017) à la demande de renouvellement de la délégation que l'ITAVI accorde au SYSAAF peut aussi être considéré comme une marque de reconnaissance de l'intérêt de notre activité au profit des filières avicoles et aquacoles.

Le SYSAAF a par ailleurs été sollicité à plusieurs reprises par les Ministères en charge de l'agriculture et/ou de l'Aquaculture pour bénéficier de son expertise des filières aquacoles et avicoles. Il l'a en particulier été pour analyser les implications de la mise en application de la Loi sur la Biodiversité et de l'APA pour nos filières, ainsi que pour la transcription du nouveau Règlement Zootechnique de l'Union Européenne.

➤ **De nouveaux besoins et un renouvellement des compétences au SYSAAF :**

Début 2017, nous étions conscients de la nécessiter d'anticiper le besoin de pallier le départ en retraite de Mme Maryse Boulay et celui de M. François Seigneurin, licencié, ainsi que l'importante augmentation d'activité dans le cadre de programmes de recherche et développement et d'appui technique auprès de plusieurs adhérents souhaitant mettre en place des programmes de sélection génomique et de nouvelles méthodes de phénotypage. Ce sont en conséquence, deux ingénieurs et un thésard dans le cadre d'un contrat CIFRE qui ont été à l'ordre du jour en 2017, en l'occurrence Mmes Yoannah François et Katixa Larre, Ms. Romain Morvezen et Jonathan d'Ambrosio. Parallèlement, ce ne sont pas moins de 3 salariées qui ont démissionnées du SYSAAF ou nous ont fait part de leur désir de le quitter pour convenance personnelle, en l'occurrence Mmes Anne-Sophie Tyriau (Tyran), Amélie Bailliard et Katixa Larre. Le recrutement de 5 nouveaux ingénieurs est donc



programmé pour 2018, auxquels il faudra adjoindre le recrutement en CDD de 2 thésards dans le cadre de contrats CIFRE, en cours d'instruction fin 2017.

Le départ de salariées, qui plus aient quand leurs compétences sont reconnues de tous, résulte toujours en une perte de compétences. Nous les remercions néanmoins sincèrement pour leur implication respective au nom du SYSAAF et nul doute que les recrutements à venir devraient parallèlement nous apporter de nouvelles compétences et être le gage du dynamisme et de l'excellence du SYSAAF de demain.

➤ **Vers une nouvelle augmentation qualitative et quantitative des activités d'appui technique aux adhérents :**

La légère réduction du nombre d'adhérents en 2017 n'a pas pour conséquence une réduction d'activités pour les agents du SYSAAF, bien au contraire. En effet, l'appui technique sollicité et apporté aux adhérents continue de se diversifier tant qualitativement que quantitativement et en se complexifiant devient plus chronophage. Ainsi, le nombre des caractères mesurés s'accroît et leur nature se diversifie, avec l'utilisation de nouveaux outils et méthodes de phénotypage ou encore le recours aux techniques et outils moléculaires.

Aujourd'hui des outils de la génomique sont déjà utilisés au SYSAAF pour traiter les données de plusieurs espèces, ou sont en voie de l'être, notamment grâce la mise en œuvre de plusieurs programmes de recherche en 2017. Une année 2017 qui fut à nouveau un excellent cru pour la réussite aux appels d'offre, notamment dans le secteur aquacole. Plusieurs adhérents du secteur avicole ont quant à eux pris en charge sur leurs fonds propres le développement des ressources génomique.

Certains de ces programmes de recherche incluent le développement de puces HD ou LD de génotypage pour la sélection génomique et/ou la sélection assistée par marqueurs, ou a minima le développement des panels d'assignation de parenté, de sexage ou encore de contrôle d'hybridation, chez la majorité de la 15<sup>aine</sup> d'espèces pour lesquelles les adhérents du SYSAAF conduisent aujourd'hui des programmes de sélection génétique pedigree.

Passant du rêve à la réalité, la rupture technologique associée à la mise en place de programmes de sélection génomique est en cours au sein de plusieurs entreprises adhérentes ; entreprises qui sont pour la plupart totalement dépendantes de l'appui technique que leur apporte le SYSAAF.

En conclusion, plus que jamais au SYSAAF

***"On ne subit pas l'avenir, on le fait"*** (Georges Bernanos)





## Annexe 1 : Coordonnées des adhérents aquacoles du SYSAAF au 1<sup>er</sup> janvier 2018.

### 1 - Coordonnées des adhérents piscicoles du SYSAAF

#### Charles Murgat Pisciculture (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**,

Espèce(s) sélectionnée(s) : **Truite arc en ciel** (*Oncorhynchus mykiss*), **Truite fario** (*Salmo trutta*) & **Ombre chevalier** ou alpin (*Salvelinus alpinus*)

Adresse Siège Social : 36 Chemin du lavoir 38270 Beaufort

Directeur correspondant SYSAAF : **M. Vincent Murgat**

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Philippe Hocdé**

Les Fontaines - 38270 Beaufort

Coordonnées : Tél. 04 74 79 18 98, Fax 04 74 79 79 94,

Courriel : [Charles.Murgat@wanadoo.fr](mailto:Charles.Murgat@wanadoo.fr), [lesfontaines@charlesmurgat.com](mailto:lesfontaines@charlesmurgat.com)

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.charlesmurgat.com>



#### Ecloserie de Guyenne (SAS)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**

Espèce sélectionnée : **Esturgeon Sibérien** (*Acipenser baerii*)

Adresse : Logerie, 5 Chemin des Peupliers, 33660 St Seurin sur l'Isle

Directeur : **M. Philippe Benoît**

Correspondant SYSAAF (responsable R&D) : **M. Bastien Debeuf** - Pisciculture du Carillon, 17240 St Fort sur Gironde – 05 46 49 30 32 ou 06 22 97 60 86

Responsable sélection : **M. Arnaud Malledant** - 4 Les Forges, 17100 Le Douhet.

Coordonnées : Tél. 05 57 49 71 89, Fax : 05 57 49 71 37,

Courriel : [philippe.benoit@kaviar.com](mailto:philippe.benoit@kaviar.com); [b.debeuf@kaviar.com](mailto:b.debeuf@kaviar.com), [arnaud.malledant@kaviar.com](mailto:arnaud.malledant@kaviar.com), [info@kaviar.com](mailto:info@kaviar.com)



#### Ecloserie Marine de Gravelines – Ichthus (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**

Espèce(s) sélectionnée(s) : **Bar** (*Dicentrarchus labrax*)

Adresse Siège Social : Voie des Enrochements - 59820 Gravelines.

Groupe : **Gloria Maris**, Président : **M. Philippe Riera** ([philippe.riera@gloriamaris.com](mailto:philippe.riera@gloriamaris.com))

Directeur Général Aquanord : **M. Olivier Brama** ([olivier.brama@ecloserie-emg.com](mailto:olivier.brama@ecloserie-emg.com))

Directeur adjoint et opérationnel : **M. Bruno Peyrou** ([bruno.peyrou@ecloserie-emg.com](mailto:bruno.peyrou@ecloserie-emg.com))

Correspondant Sélection SYSAAF : **Mme Aline Bajek** ([aline.bajek@ecloserie-emg.com](mailto:aline.bajek@ecloserie-emg.com)),

Coordonnées : Tél. 03 28 51 82 20, Fax 03 28 65 53 40,

Courriel : [bruno.peyrou@ecloserie-emg.com](mailto:bruno.peyrou@ecloserie-emg.com)

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.ecloserie-emg.fr/>

Adresse du site Internet du groupe **Gloria Maris** : <http://www.alliancedugout.com>



#### L'Esturgeonnière (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**,

Espèce(s) sélectionnée(s) : **Esturgeon Sibérien** (*Acipenser baerii*)

Adresse Siège Social : Route de Mios – Balanos - 33470 Le Teich

Président : **M. Michel Berthommier**

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Emmanuel Bonpunt** ([emmanuelb@caviar-perlita.com](mailto:emmanuelb@caviar-perlita.com))

Coordonnées : Tél. 05 56 22 69 50, Fax 05 56 22 69 67, courriel : [info@caviarfrance.com](mailto:info@caviarfrance.com)

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.caviarfrance.com>



#### Ferme Marine du Douhet (S.A.S.) - Groupe AQUALANDE (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**

Espèce(s) sélectionnée(s) :

**Daurade Royale** (*Sparus aurata*) & **Bar** (*Dicentrarchus labrax*)

Adresse Siège Social : BP 4 - 17840 La Brée les Bains,

Directeur correspondant SYSAAF : **M. Jean-Sébastien Bruant** ([bruant@douhet.com](mailto:bruant@douhet.com)),

Correspondant sélection SYSAAF : **Mme Sophie Cariou** ([cariou@douhet.com](mailto:cariou@douhet.com)),

Coordonnées : Tél. 05 46 76 58 42, Fax 05 46 76 59 81, courriel : [fmd@douhet.com](mailto:fmd@douhet.com)

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.douhet.com>



**France-Turbot Ichtus (S.A.S.)**

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**

Espèce(s) sélectionnée(s) : **Turbot** (*Scophthalmus maximus*)

Adresse Siège Social :

Groupe : **Gloria Maris**, Président : **M. Philippe Riera** (philippe.riera@gloriamaris.com)

Directeur : **M. Franck Brossard** (franck.brossard@franceturbot.fr),

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **Mme Marie Villa**,

Coordonnées : Tél. 02 28 12 95 00 - 06 09 02 87 20,

courriel : franck.brossard@franceturbot.fr, marie.villa@franceturbot.fr,

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.france-turbot.com/>

Adresse du site Internet du groupe **Gloria Maris** : <http://www.alliancedugout.com>



**Milin-Nevez (S.A.S.) - Les Aquaculteurs Bretons - Bretagne Truite (S.A.)**

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**,

Espèce(s) sélectionnée(s) : **Truite arc en ciel** (*Oncorhynchus mykiss*)

Adresse Siège Social : ZI de Kerbriant - 29260 Plouigneau

Groupe : **Les Aquaculteurs Bretons – Bretagne Truite (S.A.)**

Président Directeur Général : **M. Patrice Morvan**

Correspondant SYSAAF : **M. Dominique Charles**

Directeur Technique : **M. Jean Ruche** (jean.ruche@bretagne-truite.fr),

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Alexandre Desgranges** (alexandre@bretagne-truite.fr) -

Keryas 22540 Louargat Coordonnées : Tél. 02 98 67 75 15, Tél. 02 98 69 91 90, Fax 02 98 79 87 58,

courriel : [dominique.charles@bretagne-truite.fr](mailto:dominique.charles@bretagne-truite.fr), [keryas@bretagne-truite.fr](mailto:keryas@bretagne-truite.fr), [accueil@bretagne-truite.fr](mailto:accueil@bretagne-truite.fr)



**Lucas-Perche (S.A.S.)**

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**,

Espèce(s) sélectionnée(s) : **Perche** (*Perca fluviatilis*)

Adresse Siège Social et pisciculture : Le moulin de Cany, 57170 Hampon

Directeur : **M. Nicolas Santos** ([info@santos-poissons.ch](mailto:info@santos-poissons.ch))

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **Ms. Guillaume Boucaud & Frederica Moguerinni**

Coordonnées : Tél. 03.87.86.61.94, Fax, courriel : [lucasperchesarl@orange.fr](mailto:lucasperchesarl@orange.fr)

Adresse du site Internet de l'entreprise : <https://www.lucasperches.fr/>



**Pisciculture de Font Rome (S.C.E.A.)**

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Eclosier**,

Espèce(s) sélectionnée(s) : **Truite arc en ciel** (*Oncorhynchus mykiss*)

Adresse Siège Social : BP 25 - 07200 Aubenas

Gérants : **Mme Véronique Chaulet**,

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Mickael Beal** (m.beal@font-rome.fr)

Coordonnées : Tél. 04 75 93 17 20, Fax 04 75 93 85 62, courriel : [font-rome@wanadoo.fr](mailto:font-rome@wanadoo.fr)



**Les Poissons du Soleil (S.C.E.A.) - Groupe AQUALANDE (S.A.S.)**

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**,

Espèce(s) sélectionnée(s) : **Maigre** (*Argyrosomus regius*)

Adresse Siège Social : BP 10 - ZA Avenue de la Gare - 34540 Balaruc les Bains

Groupe Aqualande, Président Directeur Général : **M. Vincent Jacquot**

Gérants : **M. Philippe Balma**,

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Frédéric Ventre**

Coordonnées : Tél. 04 67 48 56 77, Fax 04 67 48 94 12,

courriel : [p.balma@poissons-soleil.com](mailto:p.balma@poissons-soleil.com), [f.ventre@poissons-soleil.com](mailto:f.ventre@poissons-soleil.com),

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.poissons-soleil.com>



### Les Sources de l'Avance - Les Aquaculteurs Landais - Groupe AQUALANDE (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**,  
Espèce(s) sélectionnée(s) : **Truite arc en ciel** (*Oncorhynchus mykiss*)  
Adresse Siège Social : Route de St-Gor - 40120 Roquefort  
Président Directeur Général : **M. Vincent Jacquot**  
Responsable correspondant SYSAAF : **M. Emmanuel Mazeiraud**  
Correspondant sélection SYSAAF : **M. Vincent Petit** (Vincent.Petit2@wanadoo.fr)  
Coordonnées : Tél. 05 58 05 61 00, Fax 05 58 45 50 07,  
Courriel : [emazeiraud@aqualande.com](mailto:emazeiraud@aqualande.com), [aqualande@aqualande.com](mailto:aqualande@aqualande.com)  
Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.aqualande.fr>



### Viviers de Sarrance (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**,  
Espèce(s) sélectionnée(s) : **Truite arc en ciel** (*Oncorhynchus mykiss*)  
Adresse Siège Social : Pisciculture Labedan - 64490 Sarrance  
Directeur correspondant SYSAAF : **M. Frédéric Cachelou**  
Responsable sélection correspondant SYSAAF : **Mme. Ana Acin Perez**  
Coordonnées : Tél. 06 74 59 32 92, Fax 05 59 34 55 49,  
courriel : [fred.cachelou@hotmail.fr](mailto:fred.cachelou@hotmail.fr), [ana@sarrance.com](mailto:ana@sarrance.com)  
Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.oeufsdetruite.fr/>



## 2 - Coordonnées des adhérents repeuplement et restauration écologique aquacoles du SYSAAF

### MIGADO Migrateur Garonne Dordogne (Association Loi 1901)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Eclosur**  
Espèce : **Saumon sauvage** (*Salmo salar*)  
Adresse Siège Social : 18 Ter Rue Garonne – BP 95, 47520 Le Passage  
Président : **M. Serge Sibuet La Fourmi**  
Directrice : **Mme Sylvie Boyer-Bernard**  
Responsable sélection correspondant SYSAAF : **Olivier Menchi, Isabelle Caut et Stéphane Bosc**  
Coordonnées : Tél. 05 83 87 72 42, Fax : 05 83 87 00 99  
Courriel : [omenchi.migado@orange.fr](mailto:omenchi.migado@orange.fr), [icaut.migado@orange.fr](mailto:icaut.migado@orange.fr), [bosc.migado@wanadoo.fr](mailto:bosc.migado@wanadoo.fr)  
Adresse du site Internet de l'association : <http://www.migado.fr>



## 3 - Coordonnées des adhérents conchylicoles et crevetticoles du SYSAAF

### Association de Développement de la Calédonie : ADECAL-Technopole

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**  
Espèce(s) sélectionnée(s) : **Crevette bleue** (*Litopenaeus stylirostris*),  
Adresse Siège Social :  
Centre Sud, 1bis Rue Berthelot, BP 2384, 98841 Nouméa, Nouvelle-Calédonie  
**Coordinateur ADECAL-Technopole, Directeur Pôle Marin : M. Adrien Rivaton**  
Responsable sélection correspondant SYSAAF :  
Coordonnées : Tél. 06 87 24 90 77, Fax 06 87 24 90 87, courriel : [adecal@adecal.nc](mailto:adecal@adecal.nc)  
Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.adecal.nc>



### Direction des Ressources Marines et Minières (DRMM)-Polynésie :

Statut "Membre associé" SYSAAF : **Sélectionneur**  
Espèce(s) sélectionnée(s) : **Crevette bleue** (*Litopenaeus stylirostris*)  
Responsable R&D correspondant SYSAAF : Georges Remoissenet  
Responsable sélection correspondant SYSAAF : Moana Maamaatuaiahutapu  
Adresse Siège Social : Immeuble Lecaill, 2ème étage, Fare Ute, 98713 Papeete - Ile de Tahiti, Polynésie française. BP. 20.  
Coordonnées : courriel : [georges.remoissenet@drm.gov.pf](mailto:georges.remoissenet@drm.gov.pf), [moana.maamaatuaiahutapu@ifremer.fr](mailto:moana.maamaatuaiahutapu@ifremer.fr)  
Adresse du site Internet de la structure : <http://www.ressources-marines.gov.pf/>



### France Haliotis

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**

Espèce(s) sélectionnée(s) : **Ormeau Européen** (*Haliotis tuberculata*)

Adresse Siège Social : 70 Aod Karazan Vihan, 29880 Plouguerneau

Gérant : **M. Sylvain Huchette**

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Sylvain Huchette**

Coordonnées : Tél. 02 98 37 17 39

courriel : [sylvain.huchette@francehaliotis.com](mailto:sylvain.huchette@francehaliotis.com)

Adresse du site Internet de l'entreprise : <https://www.abalonebretagne.com/>



### MARINOVE (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**

Espèce(s) sélectionnée(s) : **Huître creuse** (*Crassostrea gigas*).

Adresse Siège Social : Le Bon Port, Chemin des Ileaux - 85330 L'Epine

Directeur : **M. Fabrice Massi**

Correspondant SYSAAF : **Mme Lucie Bouckellyoen**

Coordonnées : Tél. 02 28 12 95 00, Fax 02 28 12 95 10,

Courriel : [fabrice.massi@marinove.fr](mailto:fabrice.massi@marinove.fr), [lucie.bouckellyoen@marinove.fr](mailto:lucie.bouckellyoen@marinove.fr)

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.marinove.fr/>



### SATMAR – Société Atlantique de Mariculture (S.A.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur** (A partir de 2014)

Espèce(s) sélectionnée(s) : **Huître creuse** (*Crassostrea gigas*)

Adresse Siège Social : La Saline – Gatteville-Phare - 50760 Barfleur.

Directeur Général : **M. Bertrand de Mesnildot** ([bertrand.satmar@orange.fr](mailto:bertrand.satmar@orange.fr))

Responsable R&D correspondant SYSAAF : **Mme. Emilie Vétois**

Coordonnées : Tél. 02 33 23 41 60, Fax 02 33 23 12 55, courriel : [emilie.satmar@orange.fr](mailto:emilie.satmar@orange.fr)

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.satmar.fr>



### VENDEE NAISSAIN (S.C.E.A.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur**

Espèce(s) sélectionnée(s) : **Huître creuse** (*Crassostrea gigas*)

Adresse Siège Social : Polder des Champs - 85230 Bouin.

Gérant : **M. Stéphane Angeri**

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Frédéric Chenier & Mme.**

**Adeline Lange.**

Coordonnées : Tél. 02 51 49 74 07, Fax 02 51 49 74 08,

courriel : [vendee.naissain@wanadoo.fr](mailto:vendee.naissain@wanadoo.fr), [frederic@francenaisain.com](mailto:frederic@francenaisain.com)

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.francenaisain.com>





## Annexe 2 : Coordonnées des adhérents avicoles du SYSAAF au 1<sup>er</sup> janvier 2018

### Association pour la Sauvegarde de la Poule de Barbezieux (ASPOULBA) (As. Loi 1901)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion limitée traitée à façon.**

Espèce sélectionnée : **Poulet de Barbezieux**

Adresse Siège Social : Chambre d'Agriculture Antenne Sud Charente,  
39, Rue de Barbezieux - BP43, 16210 CHALAIS.

Président : **M. Gilbert Marchand**

Correspondant SYSAAF : **Mme Nicole Billion** (05 45 78 38 80)

Coordonnées : Tél. 05 45 78 16 65 - 06 29 84 10 47, Fax 05 45 78 36 14,

Courriel : [aspoulba@orange.fr](mailto:aspoulba@orange.fr)

Adresse Site d'implantation : Sélectionné à façon au CSB.

Adresse du site Internet de l'association : <http://www.terredesaveurs.com/pl/specialites.pl?c=&n=3>

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **cf CSB**



### Cailles Robin (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion normale.**

Espèce sélectionnée : **Caille japonaise**

Groupe : **LDC**, Président : **M. Denis Lambert**

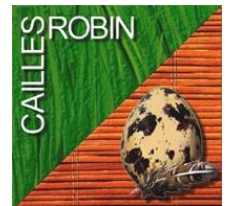
Président Directeur Général Cailles Robin : **M. Prod'homme**

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Matthieu Bourmaud**,

Coordonnées : Tél. 02 51 60 09 84, Fax 02 51 54 20 25, Courriel : [matthieu.bourmaud@cailles-robin.fr](mailto:matthieu.bourmaud@cailles-robin.fr)

Adresse Site d'implantation : 16, Boulevard des Capucines, BP30, 85190 Maché

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.cailles-robin.fr>, Courriel : [elevage@cailles-robin.fr](mailto:elevage@cailles-robin.fr)



### Caillor (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion normale.**

Espèce sélectionnée : **Caille japonaise**

Groupe : **URGAZA (Espagne)**

Directeur Caillor : **M. Yann le Moy**

Responsable correspondant SYSAAF : **M. Sinto Granell**

Coordonnées : Tél. 05 58 45 78 78, Fax 05 58 45 78 69, Courriel : [direction-vif@caillor.fr](mailto:direction-vif@caillor.fr)

Correspondant sélection SYSAAF : **M. Joan Cabanis** ([joan.cabanis@caillor.fr](mailto:joan.cabanis@caillor.fr), [selection@caillor.fr](mailto:selection@caillor.fr))

Statut "Adhérent" SYSAAF : Sélectionneur - Lignée à diffusion normale.

Adresse Site d'implantation : Caillor, BP42, 40120 Sarbazan.

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.caillor.eu>



### Centre de Sélection de Béchanne [CSB] (S.A.R.L.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion normale.**

Espèce sélectionnée : **Gallus - Poulet de Bresse & Races locales.**

Adresse Site d'implantation : 1950 chemin de Béchanne, 01370 St Etienne du Bois.

Responsable administratif correspondant SYSAAF : **Mme. Florence Petitjean**,

Correspondant sélection SYSAAF : **M. Grégory Vasse**,

Coordonnées : Tél. 04 74 30 50 48, Fax 04 74 30 56 78,

Courriel : [florence.bechanne@orange.fr](mailto:florence.bechanne@orange.fr)



### Galor (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion normale.**

Espèce sélectionnée : **Pintade**

Adresse Siège Social : 03, La Corbière, Roussay, 49450 Sevremoine

Groupe : **Groupe GRIMAUD**, Président : **M. Frédéric Grimaud**

Directeur GALOR : **M. Enrique Pellejero**

Adresse Site d'implantation : Z I de la Boitardière, BP142, 37401 Amboise Cedex

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Pascal Jamenot**,

Coordonnées : Tél. 02 47 23 34 34, Fax 02 47 57 05 03 55,

Courriel : [pascal.jamenot@galor-genetics.com](mailto:pascal.jamenot@galor-genetics.com)



### Gen'Ethic (S.C.E.A.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion normale.**  
Espèces sélectionnées : **Faisan & Perdrix rouge** (Gibier)  
Groupe **Gibovendée** : Directeur correspondant SYSAAF : **M. Denis Bourasseau**  
Courriel : [denis.bourasseau@wanadoo.fr](mailto:denis.bourasseau@wanadoo.fr)  
Directeur **Gen'Ethic** & correspondant sélection SYSAAF : **M. Serge Tricoire**  
Courriel : [serge.tricoire@gibovendee.com](mailto:serge.tricoire@gibovendee.com)  
Adresse Site d'implantation : Z A La Barboire, 85500 Chambreud.  
Coordonnées : Tél. 02 51 91 52 54, Fax 02 51 67 50 63,  
Adresse du site Internet du groupe : <http://www.gibovendee.com>



### Gourmaud Sélection - ORVIA

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion normale**  
Espèces sélectionnées : **Canards** (Canard Pékin, Canard Barbarie, *Canard mulard*),  
**Oies** (à rôtir & gavage)  
Groupe : **ORVIA** ; Président : **M. Benoit Gourmaud**  
Directeur & Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Bernard Alletru**,  
Coordonnées : Tél. 02 40 02 02 00, Fax 02 40 02 02 07, Courriel : [bernard.alletru@orvia.fr](mailto:bernard.alletru@orvia.fr)  
Adresse Site d'implantation : La Seigneurtière, 85260 St André-Treize-Voies.  
Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.orvia.fr>



### Grimaud Frères Sélection (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion normale**  
Espèces sélectionnées : **Canards** (Canard Pékin, Canard Barbarie, *Canard mulard*), **Oies** (à rôtir & gavage), *Pigeon*.  
Adresse Siège Social : La Corbière, 49450 Roussay.  
Groupe : **Groupe GRIMAUD**, Président : **M. Frédéric Grimaud**  
Directeur Grimaud Frères Sélection : **M. Yann Le Pottier**  
Responsable sélection correspondant SYSAAF : **Mme Magali Blanchet**  
Coordonnées : Tél. 02 41 70 36 90, Direct : +33 2 41 70 98 56, Mobile : +33 6 85 22 72 49, Fax 02 41 70 31 67,  
Courriel : [magali.blanchet@grimaudfreres.com](mailto:magali.blanchet@grimaudfreres.com)  
Adresse Site d'implantation : La Corbière, 49450 Roussay.  
Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.grimaudfreres.com>  
Correspondants Sélection SYSAAF par espèce :

- Canard pékin : **M. Guillaume LE MIGNON** ([guillaume.lemignon@grimaudfreres.com](mailto:guillaume.lemignon@grimaudfreres.com)),
- Canard de Barbarie : **Mme Aline ALINIER** ([aline.alinier@grimaudfreres.com](mailto:aline.alinier@grimaudfreres.com))
- Oie : **Mme Typhanie RUER** ([typhanie.ruer@grimaudfreres.com](mailto:typhanie.ruer@grimaudfreres.com))



### Hendrix Genetics Turkeys France (Transfert du statut d'adhérent depuis Caringa (S.A.))

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion normale**  
Espèce sélectionnée : **Dinde** (Fermière), **Pintade**.  
Adresse Siège Social : St Laurent de la Plaine, La Bohardière, 49290 Mauges sur Loire  
Groupe : Hendrix Genetics, Président : **Mr Thijs Hendrix**,  
Directeur Général : **M. Laurent Talbi**,  
Responsable sélection correspondant SYSAAF : **Florence Ytournel**  
Coordonnées : Tél. 02 41 74 21 21, Fax 02 41 78 38 38,  
Courriel : [florence.ytournel@hendrix-genetics.com](mailto:florence.ytournel@hendrix-genetics.com)



### Hubbard (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion normale**

Espèce sélectionnée : **Poulet de chair** (Croissance rapide & lente).

Groupe : **Aviagen**

Directeur Hubbard : **M. Olivier Rochard**

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Frédéric Fagnoul**,

Coordonnées : Tél. 02 96 79 63 70, Fax 02 96 74 04 71, Courriel : [frédéric.fagnoul@hubbardbreeders.com](mailto:frédéric.fagnoul@hubbardbreeders.com)

Adresse Siège Social : Le Foeil, BP169, 22800 Quintin

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.hubbardbreeders.com>



### Institut de Sélection Animale (ISA) (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion normale**

Espèce sélectionnée : **Poule pondeuse** (Œufs bruns et blancs).

Adresse du siège social : 5 rue Buffon, BP 308 - 22003 Saint-Brieuc

Groupe : **HENDRIX GENETICS**, Président : **Mr Thijs Hendrix**,

Directeur Général ISA : **M. Benoit Pelé**

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Julien Fablet**

Coordonnées : Tél. 02 96 77 46 00, Fax 02 96 77 46 01, Courriel : [Julien.Fablet@hendrix-genetics.com](mailto:Julien.Fablet@hendrix-genetics.com)

Adresse Site d'implantation : 1 Rue Jean Rostand, BP 23, 22440 Ploufragan

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.isapoultry.com>



### Novogen (S.A.S.)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion normale**

Espèce sélectionnée : **Poule pondeuse** (Œufs bruns et blancs).

Groupe : **Groupe GRIMAUD**, Président : **M. Frédéric Grimaud**

Directeur Novogen : **M. Mickaël Le Helloco** ([mickael.lehelloco@novogen-layers.com](mailto:mickael.lehelloco@novogen-layers.com))

Responsable sélection correspondant SYSAAF : **M. Thierry Burlot**,

Coordonnées : Tél. 02 96 58 12 60, Fax 02 96 58 12 61, Courriel : [thierry.burlot@novogen-layers.com](mailto:thierry.burlot@novogen-layers.com)

Adresse Site d'implantation : Mauguérand - Le Foeil - BP 265, 22800 Quintin.

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.novogen-layer.com>



### SASSO (Sélection Avicole de la Sarthe et du Sud-Ouest)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Sélectionneur - Lignée à diffusion normale**

Espèce sélectionnée : **Poulet de chair** (Croissance lente).

Adresse Siège Social : Route de Solférino, 40630 Sabres.

Groupe : **HENDRIX GENETICS**, Président : **Mr Thijs Hendrix**,

Directeur : **M. Louis Perrault**

Directeur Adjoint - Correspondant SYSAAF : **M. Laurent Salles**,

Coordonnées : Tél. 05 58 04 46 46, Fax 05 58 04 46 47, Courriel : [infocom@sasso.fr](mailto:infocom@sasso.fr), [Laurent@sasso.fr](mailto:Laurent@sasso.fr)

Correspondants sélection SYSAAF :

Adresse Site d'implantation : Route de Solférino, 40630 Sabres.

Adresse du site Internet de l'entreprise : <http://www.sasso.fr>



### URLAF – Union des Races Locales Avicoles Françaises (Asso. Loi 1901)

Statut "Adhérent" SYSAAF : **Collectif d'associations de races à diffusion limitée.**

Espèces sélectionnées : Races locales de volailles (Uniquement Gallus actuellement),

Président : **M. Francis Lane**

Correspondant SYSAAF : **Mme. Fanny Moysé**

Coordonnées : Tél. 09 64 09 06 66 - 07 82 20 69 17, Courriel : [moysé.biodom@urgcentre.fr](mailto:moysé.biodom@urgcentre.fr)

Siège social : Pôle BioDom' Centre-URG, Place du Général de Gaulle, 36400 La Châtre.



**Annexe 3 : Liste des programmes expérimentaux impliquant le SYSAAF en cours de réalisation en 2017 et faisant l'objet d'une fiche de présentation.**

**Secteur Aquacole**














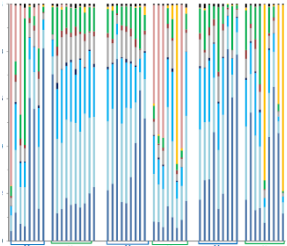
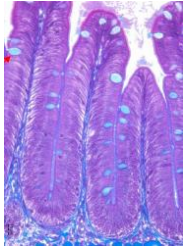

Agreenfish  
BioGerm  
CRB-Anim : Espèces Aquacoles  
Dada-Eat  
FishBoost  
GeneSea  
GenOrmeau  
GenOyster  
NeoBio  
PerFormFish  
Omega-truite  
RésiPal  
RE-Sist  
Sex'NPerch  
3S (Seabass, Sex and Stress)  
SG-Truite  
SiberSex  
Styli'Snip  
57K-Truite  
Vivaldi

**Secteur Avicole**


AvisDeDisparition  
CanArray  
*Chick-Tip*  
CRB-Anim : Espèces Avicoles  
Eva-HD  
Metachick  
SNP-Avi  
*VOLAILLES « Valorisation de l'Origine, Liens entre Acteurs, Identités Locales, Évolutions du Secteur avicole ». AO2018 IR-CVL*





	<h2 style="text-align: center;">Agreenfish</h2> <p style="text-align: center;">Adaptation aux transitions alimentaires en aquaculture : les caractériser et les favoriser</p> <p style="text-align: center;"><b>2014 - 2018 (48 mois)</b></p> <p style="text-align: center;"><b>Truite arc-en-ciel <i>Oncorhynchus mykiss</i></b></p>
<p><b>Partenaires :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">         </div> <p><b>Entreprises associés :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: center; align-items: center;">   </div> <p><b>Porteurs :</b> INRA</p>	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Aide à la réflexion sur les résultats scientifiques obtenus en lien avec les problématiques des sélectionneurs de truite</li> <li>- Transfert des résultats vers la profession :             <ul style="list-style-type: none"> <li>→ Evaluer des QTL potentiels en population commerciale en sélection chez Viviers de Sarrance</li> <li>→ Aide à l'organisation d'un séminaire final présentant les résultats du projet aux professionnels de l'aquaculture, notamment les fabricants d'aliment et les sélectionneurs</li> </ul> </li> </ul> <p><b>Participants SYSAAF :</b> A. Bestin, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p><b>Financeurs :</b></p> <div style="text-align: center;"> <p>AGENCE NATIONALE DE LA RECHERCHE</p>  </div>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Comprendre les mécanismes adaptatifs à court et long terme à un régime 100 % végétal</li> <li>- Evaluer l'efficacité de la sélection pour améliorer l'adaptation de la truite arc-en-ciel à l'aliment végétal</li> <li>- Dresser une image globale des mécanismes fonctionnels de l'adaptation/non adaptation à l'aliment végétal et obtenir une liste de biomarqueurs pertinents (phénotypes, marqueurs génétiques ou génomiques ...) utilisables en sélection et/ou permettant d'améliorer la formulation des aliments.</li> </ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	



	<h2>BioGerm</h2> <p>Production innovante de populations monosexuées sans utilisation d'hormone exogène chez les espèces d'intérêt piscicole et développement de la cryoconservation des cellules souches germinales et du sperme à haut débit</p> <p><b>2017 - 2020 (36 mois)</b></p> <p><b>Truite <i>Onchorynchus mykiss</i> Bar <i>Dicentrarchus labrax</i></b></p>
---	---

**Partenaires :**



**Rôle du SYSAAF :**

- Participation aux tâches de développement des méthodes de congélation haut débit
  - Conseil sur l'implémentation de la méthode dans les programmes de sélections et multiplications
- Participants SYSAAF : R. Morvezen, C Blay, P. Haffray, D. Guémené**

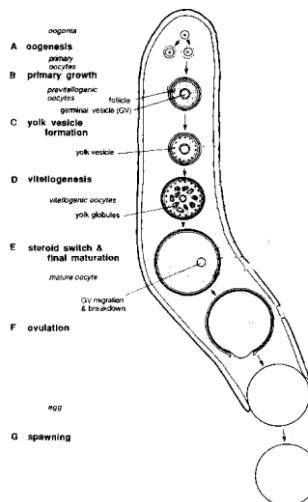
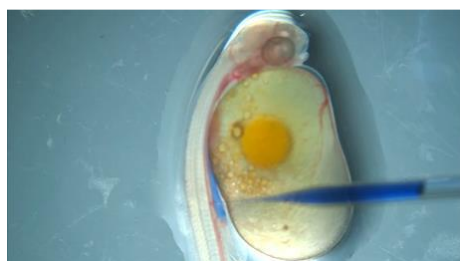
**Financeurs :**



**Objectifs scientifiques :**

- Proposer une nouvelle méthode opérationnelle à court terme et alternative à l'utilisation d'hormones exogènes pour la production de populations monosexuées femelles chez les salmonidés
- Vérifier la faisabilité et la praticabilité à très court terme (3 ans) de cette méthode dans des conditions réelles de production (pisciculture pilote)
- Favoriser la dissémination de cette méthode et de ses différentes applications dans la filière piscicole française (communication, formation, transfert à différentes espèces, conservation/régénération des ressources génétiques)

**Illustrations :**



	<p>Infrastructures nationales en biologie et santé : <b>CRB Anim</b>  Réseau de Centres de Ressources Biologiques pour les animaux domestiques (Espèces Aquacoles)  <b>2013 - 2020 (8 ans)</b>  <i>Toutes espèces aquacoles</i></p>
<p><b>Partenaires :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- INRA, AgroParisTech, CNRS, VetAgroSup</li> <li>- GIE LABOGENA- LABOGENA DNA, ANTAGENE, FRB</li> </ul>	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Collecte des semences (+ ADN) de 22 lignées de truites, bar, daurade, turbot, maigre, ombrine, esturgeon sibérien, omble arctique, omble de fontaine, huître creuse (semence et larves)</li> <li>- Cryopréservation de ces ressources génétiques pour stockage à la Cryobanque Nationale,</li> <li>- Participation à différentes expérimentations d'optimisation des procédures de congélation et au développement de panels SNP spécifiques,</li> </ul> <p><b>Participants SYSAAF :</b> P. Haffray, A. Bestin, A-S Tyran, D. Guémené.</p>	
<p><b>Financeurs :</b> "Investissements d'Avenir" ANR-11-INBS-0003"</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div>	
<p><b>Objectifs scientifiques et techniques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Création d'un Réseau de Centres de Ressources Génétique</li> <li>- Mise en cryobanque publique des ressources génétiques animales et domestiques</li> <li>- Caractérisation de la variabilité génétique de lignées aquacoles d'intérêt commerciale</li> </ul> <p><b>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Congélation de lignées commerciale</li> <li>- Développement de panels SNP / Amélioration des procédures de congélation de semences et de larves d'huîtres (+ essai de transfert à d'autres espèces de mollusques).</li> </ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around;">    </div>	




	<p style="text-align: center;"><b>Data-Eat</b></p> <p style="text-align: center;">Efficacité alimentaire individuelle chez le tilapia et audit pour une gestion génétique du tilapia à La Réunion <b>2018-2021 (36 mois)</b></p> <p style="text-align: center;"><b>Tilapia du Nil <i>Oreochromis niloticus</i> et Tilapia hybride rouge</b></p>
<p><b>Partenaires :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- <i>Audit des pratiques de gestion et de sélection génétique du tilapia rouge (hybride à 4 espèces) à La Réunion</i></li><li>- <i>Proposition de stratégie de gestion et de sélection du tilapia rouge</i></li></ul> <p><b>Participants SYSAAF :</b> Pierrick Haffray</p>	
<p><b>Financeurs :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"><p style="text-align: center; font-size: small;">Liberté • Égalité • Fraternité RÉPUBLIQUE FRANÇAISE MINISTÈRE DE L'AGRICULTURE DE L'AGROALIMENTAIRE ET DE LA FORÊT</p></div>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- <i>Transférer au tilapia le protocole d'évaluation de l'efficacité alimentaire individuelle</i></li><li>- <i>Estimer l'efficacité d'une sélection massale sur l'efficacité alimentaire</i></li><li>- <i>Rationaliser la gestion de la ressource génétique de tilapia rouge à La Réunion pour intégrer de futures innovations comme celle de l'amélioration de l'efficacité alimentaire</i></li></ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around;"></div>	





	<h2 style="text-align: center;">FishBoost</h2> <p style="text-align: center;">Amélioration de l'aquaculture Européenne par le développement de la sélection chez les 6 principales espèces piscicoles Européenne</p> <p style="text-align: center;"><b>2013 - 2018 (4 ans)</b></p> <p style="text-align: center;"><i>Truite, bar, daurade, turbot, saumon, carpe</i></p>
<p><b>Partenaires :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- INRA (F), Università Degli Studi Di Padova (I), Universidade De Santiago De Compostela (E), Hellenic Centre for Marine Research (Gr), IMARES (NL), INIA (E), MTT (F), University of Edinburgh (GB), UMB (N), University of South Bohemia (Cz), Wageningen University (NL)</li> <li>- Labogena (F), FMD (F), Cluster de la Acuicultura de Galicia Asociacion (E), EMG (F) Les Sources de l'Avance (F), SYSAAF (F), European Forum of Farm Animal Breeding (NL), Andromeda, BMR Genomics (I), SalmoBreed (N)</li> </ul>	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Interface avec les sélectionneurs français pour la mise en œuvre des protocoles</li> <li>- Estimation des paramètres génétiques sur les lignées des sélectionneurs</li> </ul> <p><b>Participants SYSAAF :</b> P. Haffray, A. Bestin, A-S Tyran, D.Guéméné.</p>	
<p><b>Financiers :</b></p> <div style="text-align: center;">  </div>	
<p><b>Objectifs scientifiques et techniques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Améliorer les méthodes de sélection piscicoles</li> <li>- Estimer les héritabilités de caractères de découpe, d'efficacité alimentaire, de substitution végétale, de reproduction, de résistance (Pancreas Disease, Koi Herpes Virus in common carp, sparicotylose, flavobacteriose, cuticociliatosis) et identifier des QTL par RADTag Sequencing</li> <li>- Evaluer la faisabilité d'une sélection génomique intrafamille avec un nombre limité de SNPs,</li> <li>- Evaluer la réponse réalisée à une sélection sur des rendements de découpe et identifier des prédicteurs</li> <li>- Analyse économique de programmes de sélection et de la perception des consommateurs.</li> </ul> <p><b>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Identification de QTL de résistance à la pasteurelle, la nodavirose et la flavobactériose,</li> <li>- Evaluation de l'efficacité d'une sélection sur les rendements de découpe,</li> <li>- Evaluation de l'intérêt d'une sélection intra-familiale sur la résistance sur 20-40 SNP.</li> </ul> <p style="text-align: right;"><a href="http://www.fishboost.eu">www.fishboost.eu</a></p>	





## GeneSea

Sélection Génomique chez le bar et la daurade  
2017 - 2020 (36 mois)

**Bar *Dicentrarchus labrax* et Daurade *Sparus aurata***

**Partenaires :**



**Rôle du SYSAAF :**

- Participation au dimensionnement et élaboration du protocole
- Interface entre les sélectionneurs et les partenaires
- Co-encadrement d'un doctorant CIFRE
- Développement du pipeline d'analyse
- Transfert et application des résultats dans les lignées des sélectionneurs

**Participants SYSAAF :** R. Morvezen, R. Griot, S. Brard-Fudulea, A. Bestin, C Blay, P. Haffray, D. Guémené

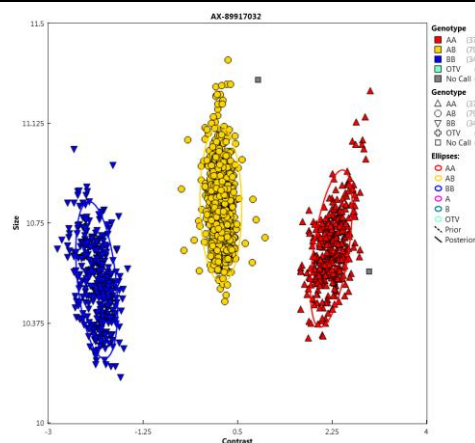
**Financeurs :**



**Objectifs scientifiques :**

- Développer la sélection génomique chez le bar et la daurade pour améliorer la résistance à des pathologies (VNN, Vibrio, pasteurelle)
- Elaborer les outils pour le faire (puces génomiques 57k SNPs, pipeline d'analyse des données, d'assignation de parenté)

**Illustrations :**





## GenOrmeau

Développement d'une nouvelle méthode de sélection génétique pour la compétitivité de la filière Ormeaux d'élevage en France

**2016 - 2019 (36 mois)**

**Ormeau *Haliotis tuberculata***

### Partenaires :



### Rôle du SYSAAF :

- Estimer les paramètres génétiques de caractères de production
- Mettre en place une stratégie de sélection au sein de la filière halioticole

**Participants SYSAAF :** F. Enez, R. Morvezen, P. Haffray, D. Guémené

### Financiers :



### Objectifs scientifiques :

- Valider la méthode d'acquisition de nouveaux caractères phénotypiques
- Estimer les paramètres génétiques de différents caractères d'intérêt chez *Haliotis tuberculata*

### Illustrations :





## GenOyster

Validation d'une méthode de sélection massale intra-groupe assistée par marqueurs pour améliorer la résistance génétique de l'huître creuse à 2 maladies majeures de la filière

**2015 – 2018 (18 mois)**

**Huître creuse (*Crassostrea gigas*)**

**Partenaires :** Labogena DNA, Ifremer, SYSAAF.



Ifremer

### Rôle du SYSAAF :

- Coordination du projet
- Appui technique des écloséries pour la mise en œuvre d'une sélection massale intra-groupe sur la survie des naissains à l'herpes assistée par empreintes génétiques
- Estimation du risque de consanguinité
- Optimisation par simulation de schémas de sélection massale intra-groupe

**Participants SYSAAF :** F. Enez, P. Haffray, C. Fraslin (CIFRE), S. Brard, D. Guémené.

**Financeurs :** Etablissement National des Produits de l'Agriculture et de la Mer (FranceAgriMer)

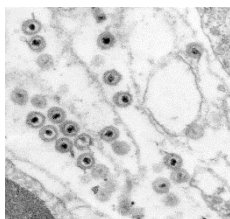


FranceAgriMer

### Objectifs scientifiques :

- Valider la faisabilité d'une sélection massale intra-groupe
- Optimiser les schémas de sélection ostréicoles
- Amélioration du panel d'assignation de parenté GigADN et incorporation de marqueurs QTL
- Evaluation des fréquences à de premiers QTL associés à la résistance dans les populations expérimentales et commerciales

### Illustrations :





	<h2 style="text-align: center;">NeoBio</h2> <p style="text-align: center;">Bases zootechniques et génétiques pour un contrôle du sexe des reproducteurs de truite par la température</p> <p style="text-align: center;"><b>2016 - 2019 (36 mois)</b></p> <p style="text-align: center;">Truite arc-en-ciel <i>Oncorhynchus mykiss</i></p>
<p><b>Partenaires :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">    </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 10px;">    </div> <p><b>Porteurs : INRA</b></p>	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>Initiateur du projet</i></li> <li>- <i>Participation au dimensionnement du protocole</i></li> <li>- <i>Organisation d'échantillonnages à l'échelle nationale, en cheptels diploïdes et triploïdes</i></li> <li>- <i>Analyses des origines génétiques des mâles spontanés</i></li> <li>- <i>Valorisation des résultats, transferts à la filière</i></li> </ul> <p><b>Participants SYSAAF : A. Bestin, P. Haffray, D. Guémené</b></p>	
<p><b>Financeurs :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>Tester chez la truite arc-en-ciel la possibilité d'exploiter les traitements thermiques chauds (18°C) comme méthode alternative aux traitements hormonaux pour obtenir des néomâles en multiplication pour la production de populations monosexes femelles,</i></li> <li>- <i>Préciser les conditions de mise en place de cette méthode thermique d'inversion sexuelle dans la gestion à long terme des cheptels.</i></li> </ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around;">   </div>	





Amélioration de la compétitivité de la filière méditerranéenne  
**2017-2022 (60 mois)**  
**Bar et daurade *Dicentrarchus labrax* et *Sparus aurata***

**Partenaires : 28 partenaires. Coordination Université de Thessalie (K. Moutou)**



**Rôle du SYSAAF :**

- Assister les entreprises FMD et EMG, tierce parties du CIPA
- Participer à l'ITEC (Comité technique du pilotage du projet)
- Estimer les paramètres génétiques de la résistance à la vibriose chez le bar en interaction avec une substitution végétale commerciale (EMG)
- Estimer les paramètres génétiques des caractères de production de daurade en cage et corrélations génétiques avec l'efficacité alimentaire individuelle (FMF, INRA)

**Participants SYSAAF :** Anastasia Bestin, Carole Blay, P. Haffray,

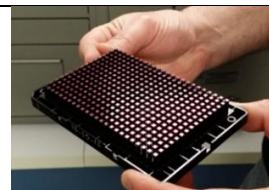
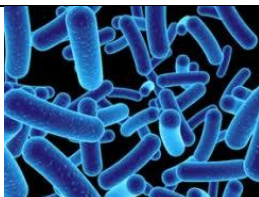
**Financiers :**















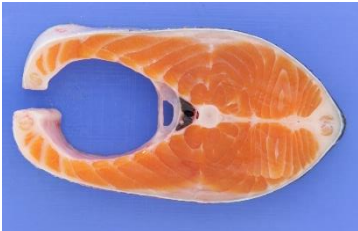
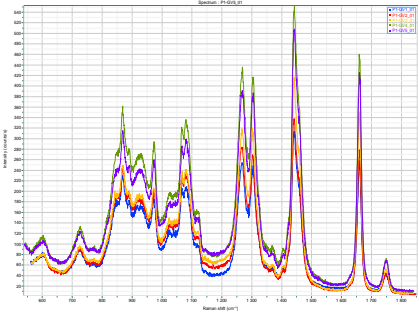


**Objectifs scientifiques :**

- Participer à la mise au point d'un protocole de phénotypage de l'efficacité alimentaire individuelle chez la daurade pour estimer de premiers paramètres génétiques et la faisabilité d'une sélection génomique
- Evaluer l'interaction GxE entre résistance génétique à la vibriose chez le bar et la substitution végétale

**Illustrations :**



	<h2 style="text-align: center;">OmegaTruite</h2> <p style="text-align: center;">Sélection pour améliorer la teneur en acides gras longs polyinsaturés n-3 par spectrométrie de diffusion Raman <b>2018 - 2020 (36 mois)</b> Truite arc-en-ciel <i>Oncorhynchus mykiss</i></p>
<p><b>Partenaires :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 10px;">    </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 10px;">   </div>	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Coordination et pilotage du projet</li> <li>- Estimation des paramètres génétiques des teneurs en acides gras (prédiction de la teneur en AGLPI n-3 par spectrométrie vibrationnelle de type Raman) et de la faisabilité d'une sélection génomique sur la composition et/ou la teneur en acides gras</li> <li>- Accueil et hébergement d'une CDD de la plateforme SIR-ScanMat (CNRS)</li> </ul> <p><b>Participants SYSAAF :</b> C. Blay, F. Enez, P. Haffray</p>	
<p><b>Financeurs :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Estimer la faisabilité d'une sélection génétique pour améliorer la capacité de synthèse des AGLPI n-3 chez la truite arc-en-ciel</li> <li>- Développer des lignées de poissons moins utilisatrices de ressources naturelles issues des pêcheries et favorables à l'amélioration de la santé des consommateurs par augmentation naturelle de la teneur en acides gras essentiels</li> </ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div>	




	<p style="text-align: center;"><b>RésiPal</b> Sélection génétique de la palourde japonaise, <i>Ruditapes philippinaum</i>, pour la résistance à la maladie de l'anneau brun <b>2017 - 2019 (18 mois)</b> <b>Palourde japonaise <i>Ruditapes philippinaum</i></b></p>
<p><b>Partenaires :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Estimer les paramètres génétiques associés à la maladie de l'anneau brun et aux caractéristiques physiologiques et morphologiques chez la palourde</li></ul> <p><b>Participants SYSAAF :</b> F. Enez, C. Blay, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p><b>Financeurs :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div> <p style="text-align: center; margin-top: 10px;"><small>Ministère de l'Environnement, de l'Énergie et de la Mer</small></p>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Estimer la faisabilité d'une sélection génétique pour la résistance à la maladie de l'anneau brun</li><li>- Mesurer l'impact de la maladie de l'anneau brun sur les caractères physiologiques et morphologique de la palourde japonaise</li></ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>	





	<h2 style="text-align: center;">RE-Sist</h2> <p style="text-align: center;">Amélioration par sélection de la résistance des poissons d'élevage aux agents pathogènes <b>2013 - 2017</b> <i>Truite arc-en-ciel, bar, daurade, turbot</i></p>
<p><b>Partenaires :</b></p> 	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b> Le SYSAAF intervient dans la <b>création, la mise en place et la coordination</b> du projet RE-SIST. A titre individuel, l'objectif du SYSAAF dans le projet est de valider au sein des PME cette nouvelle méthode de sélection en familles mélangées sur un <b>caractère à seuil</b> avec <b>challenges contrôlés</b> (Anses) ou en <b>pisciculture</b>, de <b>simuler les optimisations potentielles</b> et de préparer l'intégration d'une <b>sélection assistée par marqueurs</b> qui devraient être identifiés par l'INRA et l'IFREMER..</p> <p><b>Participants SYSAAF :</b> P. Haffray, A. Bestin, A-S. Tyran, H. Chapuis, R. Richer, D. Guémené</p>	
<p><b>Financeurs :</b> Fond Unique Interministériel, Pôle Aquimer, Pôle Agrimip, Pôle Qualiméditerranée, Pôle Mer Bretagne, Pôle Mer PACA</p> 	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Estimer l'<b>héritabilité</b> de la résistance à 7 maladies (<b>flavobactériose, furunculose entérites estivales, nodavirose, edwardsielle, vibriose et pasteurellose</b>) chez la truite, le bar le turbot et la daurade en conditions de production ou en challenges contrôlés, ainsi que les <b>corrélations génétiques</b> entre résistances aux maladies et caractères de <b>qualité des produits</b></li> <li>- Validation des <b>procédures de sélection</b> pour les maladies maîtrisées en conditions expérimentales : la flavobactériose chez la truite et la nodavirose chez le bar.</li> <li>- Identifier les <b>bases moléculaires et marqueurs génétiques de la résistance</b> l'origine de la variabilité génétique pour la résistance à la flavobactériose chez la truite et à la nodavirose chez le bar.</li> </ul> <p><b>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- <b>Adapter et optimiser</b> les programmes de sélection pour intégrer ces données.</li> </ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> 	



	<h2 style="text-align: center;">Sex'NPerch</h2> <p style="text-align: center;">Sexage génétique chez la perche européenne <i>Perca fluviatilis</i> et amélioration de sa production par l'utilisation de populations monosexes femelles</p> <p style="text-align: center;"><b>2016 - 2019 (36 mois)</b></p> <p style="text-align: center;">Perche européenne <i>Perca fluviatilis</i></p>
---	---

**Partenaires :**








**Laboratoires et entreprises associés :**




**Rôle du SYSAAF :**

- Supervision de la production des populations expérimentales par l'entreprise de sélection Lucas Perches
- Validation d'un test de sexage génétique des perches en conditions commerciales
- Transfert de la technologie à la filière

**Participants SYSAAF : A. Bestin, P. Haffray, D. Guémené**

**Financeurs :**







**Objectifs scientifiques :**

- Développer de nouvelles connaissances relatives au déterminisme génétique du sexe
- Mettre au point un test de sexage génétique fiable et performant pour identifier de façon rapide et sûre les néo-mâles qui doivent être utilisés pour produire des populations de perches génétiquement toutes femelles









→ Développer des populations monosexes femelle de perche (dimorphisme de croissance à l'avantage des femelles)

**Illustrations :**








	<h2 style="text-align: center;">3S (Seabass, Sex and Stress)</h2> <p style="text-align: center;">Rôle et contrôle de l'effet du stress dans la masculinisation des juvéniles de bar</p> <p style="text-align: center;"><b>2018 - 2020 (36 mois)</b></p> <p style="text-align: center;">Bar commun <i>Dicentrarchus labrax</i></p>	
<p><b>Partenaires :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div>		
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Détermination des alternatives zootechniques d'intérêt selon les contraintes de la filière</li> <li>- Rédaction d'une méthodologie opérationnelle de sexage précoce du bar</li> <li>- Valorisation des résultats et transferts à la filière</li> </ul> <p><b>Participants SYSAAF :</b> P. Patrice, P. Haffray, D. Guémené</p>		
<p><b>Financeurs :</b></p>		 <p style="text-align: center;">Liberté • Égalité • Fraternité RÉPUBLIQUE FRANÇAISE</p>  <p style="text-align: center;">Ministère de l'Environnement, de l'Énergie et de la Mer</p>
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Déterminer le rôle du stress précoce dans la masculinisation du bar commun</li> <li>- Tester différentes conditions environnementales (notamment lumière et densité) visant à diminuer le stress des individus et ainsi à augmenter la proportion de femelles dans les populations</li> <li>- Définir un protocole d'élevage opérationnel permettant de maximiser le nombre de femelles produites, indépendamment de leurs caractéristiques génétiques</li> </ul>		
<p><b>Illustrations :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div>		



	<h2>SG-Truite</h2> <p>Sélection Génomique chez la truite Arc-en-Ciel  <b>2017 - 2020 (36 mois)</b>                  Truite arc-en-ciel <i>Oncorhynchus mykiss</i></p>
---	---

**Partenaires :**



**Rôle du SYSAAF :**

- Porteur du projet
- Co-encadrement d'un doctorant CIFRE
- Développement du pipeline d'analyse
- Coordination des échanges entre l'INRA, Gentyane et les adhérents impliqués

**Participants SYSAAF :** R. Morvezen, J. D'Ambrosio, S. Brard-Fudulea, A. Bestin, P. Patrice, F. Enez, P. Haffray, D. Guémené

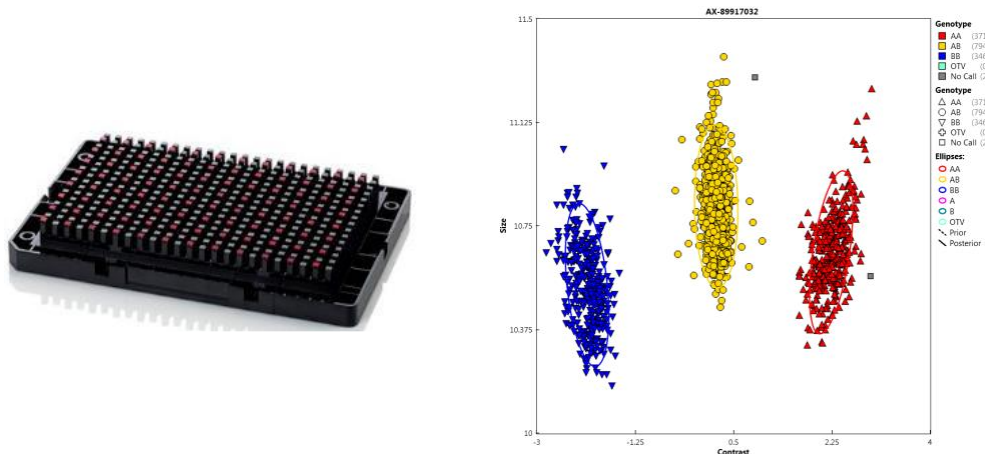
**Financeurs :**

















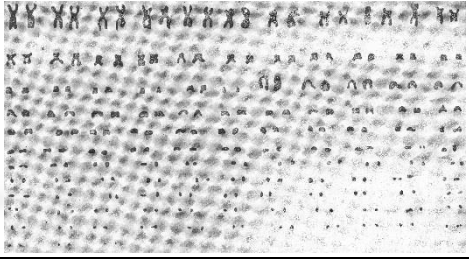
**Objectifs scientifiques :**

- Tester l'intérêt de l'information génomique sur des caractères sélectionnés en truiticulture
- Evaluer la précision des valeurs génomiques par caractères en fonction du nombre de SNP utilisé
- Formuler des programmes de sélection génomique adaptés (taille de la population de référence, nombre de SNPs utiles...)

**Illustrations :**





	<h2 style="text-align: center;">Siber'Sex</h2> <p style="text-align: center;">Amélioration de la filière caviar chez l'esturgeon sibérien par un contrôle génétique de la production de populations monosexue femelle</p> <p style="text-align: center;"><b>2017 - 2020 (36 mois)</b></p> <p style="text-align: center;"><b>Esturgeon sibérien <i>Acipenser baerii</i></b></p>
<p><b>Partenaires :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">        </div>	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Mise en œuvre des protocoles de création d'animaux expérimentaux par gynogenèse méiotique en étroite collaboration avec l'Esturgeonnière et Sturgeon</li> <li>- Valorisation des résultats et accompagnement des sélectionneurs pour produire des populations monosexue femelle</li> </ul> <p><b>Participants SYSAAF :</b> A. Bestin, F. Enez, P. Patrice, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p><b>Financeurs :</b></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">      </div>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Caractériser le déterminisme du sexe chez l'esturgeon sibérien grâce au séquençage complet du génome et à la création d'une carte génétique</li> <li>- Mettre au point un test de sexage génétique</li> <li>- Développer une stratégie de production d'animaux « tout femelle »</li> </ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> <div style="display: flex; align-items: center;">    </div>	



## Styli'Snip

Validation d'une sélection massale intragroupe pour la résistance aux vibrioses chez la crevette

**2015 - 2017 (18 mois)**

**Crevette bleu (*Litopenaeus stylirostris*)**

**Partenaires :** ADECAL, Ifremer, CNRS, SYSAAF.



### Rôle du SYSAAF :

- Coordination du projet
- Dimensionnement du protocole
- Formation du personnel
- Accompagnement pour collecte échantillons d'une population sauvage (Mexique), à l'identification de SNP (CNRS) et assignations de parenté
- Estimation des paramètres génétiques des caractères de production et de résistance aux Vibrioses

**Participants SYSAAF :** P. Haffray, F. Enez, D. Guémené.

**Financeurs :** Province Nord et Province Sud de Nouvelle Calédonie



### Objectifs scientifiques :

- Développer des ressources génomiques par RAD Tag Sequencing et valider un panel d'assignation de parenté par SNP
- Estimer la variabilité de la souche de crevette de Nouvelle Calédonie
- Estimer l'héritabilité de la résistance à 2 vibrioses (*V. penaeicidae* et *V. nigrichirludo*) et de la croissance en bassins en terre
- Valider les principes d'une sélection massale intra-groupe successive sur la résistance à un des vibrio puis sur la croissance

### Illustrations :



## 57K Truite

Caractérisation génétique des populations françaises de truite arc-en-ciel à l'aide d'une puce 57kSNP et premières applications

2015 - 2017 (18 mois)

Truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss*

### Partenaires :



### Rôle du SYSAAF :

- Coordination du projet
- Dimensionnement du protocole
- Accompagnement pour définition des échantillons des populations des entreprises à collecter

Participants SYSAAF : P. Haffray, C. Fraslin (CIFRE), S. Brard, A. Bestin, D. Guémené.

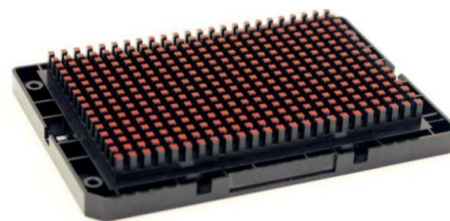
### Financeurs : FranceAgrimer




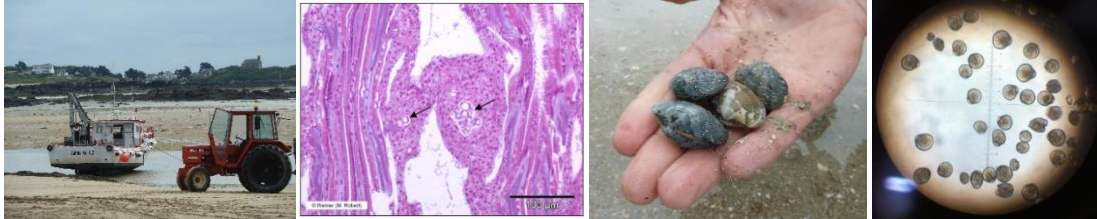


### Objectifs scientifiques :

- Tester la qualité de la puce Axiom 57K d'Affimetrix développée chez la truite arc-en-ciel
- Evaluer la variabilité génétique des lignées françaises et de l'INRA
- Evaluer le déséquilibre de liaison intra lignées
- Identifier des marqueurs de résistance à la flavobactériose dans une population française de truite arc-en-ciel par génotypage HD des sujets extrêmes







### Illustrations :



	<p style="text-align: center;"><b>Vivaldi</b> Amélioration de l'état sanitaire des cheptels conchylicoles européens <b>2016 - 2020 (48 mois)</b> <b>5 espèces conchylicoles</b></p>
<p><b>Partenaires :</b></p> 	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Estimer les paramètres génétiques à OsHV-1 et les corrélations avec les caractères de production chez l'huître creuse <i>C. gigas</i></li> <li>- Estimer les paramètres génétiques de résistance à la maladie de l'anneau brun et à <i>Perkinsus olseni</i>, ainsi que les corrélations avec des caractères de production chez la palourde japonaise <i>Ruditapes philippinarum</i></li> </ul> <p><b>Participants SYSAAF :</b> F. Enez, R. Morvezen, C. Blay, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p><b>Financiers :</b></p>  <p style="text-align: center;">UNION EUROPÉENNE</p>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Etudier la diversité des pathogènes affectant les mollusques</li> <li>- Améliorer la compréhension de l'apparition des maladies, notamment les interactions entre hôtes, pathogènes et environnements</li> <li>- Etudier la réponse de l'hôte face au pathogène</li> <li>- Etudier la faisabilité de la sélection génétique sur la résistance aux pathogènes</li> <li>- Définir des recommandations pour limiter l'impact des maladies</li> </ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> 	





	<h2 style="margin: 0;">AvisDeDisparition</h2> <p style="margin: 0;">Origine des diminutions de taille de génome entre souches de poulets et le parent dont elles dérivent, la poule de jungle</p> <p style="margin: 0;"><b>2016 - 2018 (2 ans)</b></p> <p style="margin: 0;"><i>Poule</i></p>
<p><b>Partenaires :</b> INRA PRC (Porteur) SYSAAF (Partenaire)</p>	 
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Interaction avec l'adhérent impliqué dans le projet</li> <li>- Choix des poules à analyser en cytométrie pour observation des tailles de génome dans les lignées du sélectionneur</li> <li>- Préparation des échantillons pour la cytométrie</li> <li>- Choix des individus à séquencer dans les lignées du sélectionneur</li> <li>- Analyse des réarrangements structuraux chez les individus séquencés parmi les lignées du sélectionneur</li> </ul> <p><b>Participants SYSAAF :</b> <i>S.Brard, D. Guémené, R. Richer</i></p>	
<p><b>Financeurs :</b> <i>CRB-Anim</i></p>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Identification de régions perdues du génome et des réarrangements structuraux dans différentes lignées par comparaison avec la Poule Rouge de Jungle</i></li> </ul> <p><b>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Connaissances sur les tailles de génome et sur les réarrangements structuraux dans différentes lignées</li> <li>• Perspectives d'application : lien entre phénotypes et taille du génome</li> </ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> <div style="display: flex; align-items: center;">   <div style="background-color: #1a3d54; color: white; padding: 10px; margin-left: 20px;">  <p style="margin: 0;">Centres de Ressources Biologiques pour les Animaux Domestiques</p> </div> </div>	



	<h2 style="text-align: center;">CanArray</h2> <p style="text-align: center;">Développement d'une puce de génotypage utilisable pour mettre en place des programmes de sélection génomique chez le canard commun et le canard de barbarie</p> <p style="text-align: center;"><b>2016 - 2018 (3 ans)</b></p> <p style="text-align: center;"><b>Canard Commun, Canard de Barbarie</b></p>
<p><b>Partenaires :</b>                  SYSAAF (Porteur)                  INRA GenPhySE (Partenaire)                  INRA PEGASE (Partenaire)                  Roslin Institute (Partenaire)                  Grimaud Frères Sélection                  Orvia Gourmaud Sélection                  Cherry Valley</p>	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Coordination du projet</li> <li>- Choix des canards à séquencer pour l'identification de SNP, et à génotyper pour tester la puce</li> <li>- Suivi de l'analyse des résultats du séquençage et du choix des SNP</li> </ul> <p><b>Participants SYSAAF : S. Brard, D. Guémené, R. Richer</b></p>	
<p><b>Financeurs : Région Pays de la Loire</b></p>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Mise à jour du génome du canard de Barbarie, et production d'une première version du génome du canard Commun</li> <li>• Acquisition de connaissances sur la diversité génétique chez le canard</li> </ul> <p><b>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Mise à disposition d'un outil de génotypage haute-densité utilisable pour l'étude de l'architecture génétique de caractères d'intérêt et le test de la sélection génomique chez le canard Commun, chez le canard de Barbarie, et chez l'hybride issu de leur croisement</li> <li>• Mise à disposition de listes de SNP pertinents pour la mise au point de panels d'assignation de parenté</li> </ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> 	





**Infrastructures nationales en biologie et santé : CRB Anim**  
Réseau de Centres de Ressources Biologiques pour les animaux domestiques (Espèces Avicoles)  
**2013 - 2020 (8ans)**  
*Espèces avicoles*

**Partenaires :**

INRA (Porteur) : GABI, PRC, SCRIBE

SYSAAF (Prestataire)

Autres Partenaires : CNRS, VetAgroSup, Labogena, Antagene, FRB,...



**Rôle du SYSAAF :**

- Réaliser la constitution des stocks de semence congelée de 21 races anciennes de poules, 10 lignées Gallus expérimentales INRA.
- Participer à l'amélioration des techniques de congélation de semence de coq, de dindon et de caille, ainsi que de cellules diploïdes (PGC).

**Participants SYSAAF :** F. Seigneurin, A. Bailliard, A. Thélie, D. Guémené

**Financeurs :** Investissements d'Avenir" ANR-11-INBS-0003



**Objectifs scientifiques :**

- Créer et/ou enrichir les collections de matériel génétique des CRB.
- Développer et/ou améliorer toute technique utile à l'étude, la gestion et la sauvegarde de la diversité génétique.

**Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :**

- Cryoconservation de 21 races anciennes de poules.
- Mise au point de la congélation du sperme chez la dinde et la caille.
- Accès aux progrès des biotechnologies de la reproduction.

**Illustrations :**



	<p><b>Eva-HD : Efficacité Volailles Haut Densité</b> Développement d'un automate permettant un accès direct et en continu à l'efficacité alimentaire individuelle des animaux dans les conditions d'élevage. <b>2015 - 2018</b> <i>Espèces avicoles</i></p>
<p><b>Partenaires :</b> ITAVI (Porteur) INRA (Partenaire) SYSAAF (Partenaire) Euronutrition (Partenaire)</p>	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Participation au développement du dispositif.</li><li>- Participation à la réalisation des protocoles expérimentaux du projet.</li><li>- Mise à l'épreuve de l'automate pour la sélection génétique au travers l'analyse des données de l'automate en vue d'en caractériser la variabilité génétique ainsi qu'en vue d'identifier de nouveaux critères de sélection liés au comportement alimentaire des animaux.</li></ul> <p><b>Participants SYSAAF : N. Alnahhas, B. Desnoues, D. Guémené.</b></p>	
<p><b>Financeurs : Projet CASDAR</b></p>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <i>Mesure en temps réel de la consommation alimentaire et du poids vif individuels afin de calculer l'efficacité alimentaire.</i></li><li>• <i>Enregistrement, analyse et identification des caractères de comportement alimentaire.</i></li></ul> <p><b>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Mise à disposition d'un automate permettant d'évaluer et d'améliorer l'efficacité et le comportement alimentaires des animaux en groupe au sol.</li></ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> 	 





	<p style="text-align: center;"><b>MetaChick</b> Building a catalog of the chicken intestinal metagenome <b>2016 - 2019 (3 ans)</b> <i>Poule</i></p>
<p><b>Partenaires :</b> INRA GABI (Porteur) INRA PEGASE (Partenaire) INRA URA (Partenaire) INRA GenPhySE (Partenaire) INRA ISP (Partenaire) SYSAAF (Invité ITAVI) Metagenopolis (Partenaire)</p>	  
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b> - Mobilisation Participation au comité de pilotage, <b>Participants SYSAAF : S. Brard, D. Guémené</b></p>	
<p><b>Financeurs :</b> France génomique</p>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <i>Création d'un catalogue du métagénome du microbiote intestinal du poulet</i></li></ul> <p><b>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <i>Caractérisation du métagénome observé chez leurs lignées étudiées dans le projet</i></li></ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> 	



	<h2 style="text-align: center;">RefGenDivA</h2> <p style="text-align: center;">Les collections avicoles de CRB-Anim : un référentiel génomique pour caractériser et gérer la diversité génétique chez la poule, de la race locale à la lignée commerciale</p> <p style="text-align: center;"><b>2017 - 2018 (2 ans)</b></p> <p style="text-align: center;"><b><i>Poule pondeuse, Poulet de chair</i></b></p>
<p><b>Partenaires :</b>                  SYSAAF (Porteur)                  UMR INRA – AgropPariTech GABI (Partenaire)                  Labogena DNA (Partenaire)</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Gestion de projet</li> <li>- Analyse de la variabilité génétique inter et intra population en collaboration avec l'INRA</li> <li>- Développement de la méthode de choix des marqueurs pour l'assignation de parenté et à la race et validation croisée, en partenariat avec l'INRA</li> </ul> <p><b>Participants SYSAAF :</b> N. Alnahhas, <b>S.Brard</b>, D. Guémené, R. Richer.</p>	
<p><b>Financeurs :</b> CRB-Anim</p>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Apport de connaissances sur la biodiversité avicole : compléter le référentiel génomique obtenu dans BioDivA</li> <li>• Développement original d'un panel SNP à double objectif : assignation de parenté et à la race</li> <li>•</li> </ul> <p><b>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Mise à disposition d'un outil d'assignation de parenté <i>Gallus</i></li> </ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> 	



	<p style="text-align: center;"><b>SNP-Avi</b></p> <p style="text-align: center;">Développer des SNP pour les espèces ne disposant pas de ce type de ressource, afin de permettre le développement de panels SNP (assignation de parenté, sexage, hybridation...)</p> <p style="text-align: center;"><b>2015 - 2017</b></p> <p style="text-align: center;"><i>Espèces avicoles et aquacoles</i></p>
<p><b>Partenaires :</b> SYSAAF (Porteur) CNRS (Partenaire) Sélectionneurs (Partenaires)</p>	 
<p><b>Rôle du SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Gestion de projets</li> <li>- Interface entre les sélectionneurs, le CNRS</li> </ul> <p><b>Participants SYSAAF :</b> <i>S.Brard, P. Haffray, D. Guémené.</i></p>	
<p><b>Financeurs :</b> <i>Sélectionneurs adhérents SYSAAF</i></p>	
<p><b>Objectifs scientifiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Identification de marqueurs génétiques chez différentes espèces d'oiseaux (marqueurs SNP)</i></li> </ul> <p><b>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Mise à disposition de listes de SNP permettant de répondre à des besoins spécifiques des adhérents, correspondant à différentes applications (assignation de parenté, sexage, hybridation...)</li> </ul>	
<p><b>Illustrations :</b></p> 	



**Annexe 4 : Liste des publications-communications des agents du SYSAAF en 2016****1 - Articles primaires publiés dans périodiques à comité de lecture ou ouvrages**

- 1 **Alnahhas, N.**, Berri, C., Chabault, M., Bourin, M., Arnould, C., Le Bihan-Duval, E. 2017. Combined effect of divergent selection for breast muscle ultimate pH and dietary amino acids on chicken performance, physical activity and meat quality. *Animal*. 11(2): 335 – 344.
- 2 Doan Q.K., Vandeputte M., Chatain B., **Haffray P.**, Vergnet A., Breuil G., Allal F., 2017. Genetic variation of resistance to Viral Nervous Necrosis and genetic correlations with production traits in wild populations of the European sea bass (*Dicentrarchus labrax*). *Aquaculture* 478, 1-8.
- 3 **Fraslin, C.**, Dupont-Nivet, M., **Haffray, P.**, **Bestin, A.**, and Vandeputte, M., 2018. How to genetically increase fillet yield in fish: New insights from simulations based on field data. *Aquaculture* 486, 175-183.
- 4 Guinand, B., Vandeputte, M., Dupont-Nivet, M., Vergnet, A., **Haffray, P.**, Chavanne, H., Chatain, B., 2017. Metapopulation patterns of additive and non-additive genetic variance in the sea bass (*Dicentrarchus labrax*). *Ecology and Evolution*. DOI:10.1002/ece3.2832.
- 5 Harney, E., Lachambre, S., Roussel, S., Huchette, S., **Enez, F.**, **Morvezen, R.**, **Haffray, P.**, Boudry, P., 2018. Transcriptome based SNP discovery and validation for parentage assignment in hatchery progeny of the European abalone *Haliotis tuberculata*. *Aquaculture* 491, 105–113.
- 6 Nolasco-Alzaga, H.R., Perez-Enriquez, R., Palacios-Mechetnov, E., **Haffray, P.**, 2017. Quantitative genetic parameters for growth and fatty acid content in the hemolymph of *Litopenaeus vannamei*. *Aquaculture*, 482, 17-23. DOI: doi: 10.1016/j.aquaculture.2017.09.015
- 7 Vandeputte, M., Puleda, A., **Tyran, A. S.**, **Bestin, A.**, Coulombet, C., Bajek, A., Baldit, G., Vergnet, A., Allal, F., Bugeon, J., **Haffray, P.**, 2017. Investigation of morphological predictors of fillet and carcass yield in European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) for application in selective breeding. *Aquaculture* 470, 40-49.

**2 - Synthèse publiés dans périodiques à comité de lecture****3 - Articles publiés dans périodiques sans comité de lecture****4 - Communications courtes dans congrès et symposiums internationaux**

- 8 **Alnahhas, N.**, Chapuis, H., **Guémené D.**, 2017. Impact of Breeding Population Size and Selection Method on Effective Population Size: A Simulation Study. 10<sup>th</sup> European Symposium on Poultry Genetics, 26-28<sup>th</sup> June 2017, Saint-Malo.
- 9 Aslam, M. L., Carraro, R., Bestin, A., Cariou, S., Rovere, G. D., Sonesson, A. K., Bruant, J.-S., Haffray, P., Bargelloni, L., Meuwissen, T., 2017. Genetic of resistance to pasteurellosis in gilthead sea bream (*Sparus aurata*) using 2b-RAD sequencing. In: "European Aquaculture Society", Dubrovnik, Croatia, 17-20 october 2017.
- 10 **Bestin, A.**, Bruant, J.-S., Cariou, S., Balma, P., Ventre, F., Allamellou, J.-M., Bargelloni, L., Ferrarosso, S., **Haffray, P.**, 2017. Genetic correlations between processing traits and disease resistance to pasteurellosis in a French hatchery population of gilthead sea bream (*Sparus aurata*). *Aquaculture Europe* 2017. 17-20 octobre. (communication orale)
- 11 **Enez, F.**, Lorgeoux, B., Mahunon, H., Bugeon, J., Vandeputte, M., Gagnaire, P.-A., Bierne, N., Blanc, P., **Haffray, P.**, 2018. Genetic parameters for growth and colour traits in Pacific blue shrimp *Litopenaeus stylirostris* in a mixed family design with SNP parentage assignment in New-Caledonia. In "World Congress on Genetics Applied to Livestock Production", Aotea Centre Auckland, New Zealand, 11–16 February 2018.
- 12 Fitriani Y., Wahjudi, B., Muhyi, S., **Quittet, B.**, **Bestin, A.**, Michel, A., **Haffray P.**, 2017. Combined dam rotational mating and DNA parentage assignment to estimate genetic parameters of growth and quality traits in the Asian seabass *Lates calcarifer* reared in the Java Sea. XII<sup>th</sup> International Symposium for Genetics in Aquaculture, Santiago de Compostella, Spain. *Aquaculture*, 472, 129.
- 13 **Fraslin, C.**, Palaiokostas, C., Bernard, M., Dechamp, N., Bernardet, J.-F., Rochat, T., Houston, R. D., Quillet, E., 2017. ddRadseq mapping of QTLs associated with resistance to bacterial cold water disease in rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*. In: "European Aquaculture Society", Dubrovnik, Croatia, 17-20 october 2017.
- 14 **François, Y.**, **Brard, S.**, **Alnahhas, N.**, **Chapuis, H.**, Burlot, T., Varenne, A., Elsen, J. M., Le Roy, P., 2017. Deterministic modeling of a poultry selection scheme. 10<sup>th</sup> European Symposium on Poultry Genetics, 26-28<sup>th</sup> June 2017, Saint-Malo.





- 15 **Guémené D., Alnahhas, N.,** Chapuis, H., 2017. Monitoring small poultry populations using simulated annealing algorithms. 10<sup>th</sup> European Symposium on Poultry Genetics, 26-28<sup>th</sup> June 2017, Saint-Malo.
- 16 Lachambre, S., Roussel, S., Huchette, S., Gervois, J-L., Bourdonay, L., Chenevert, K., Audrezet, F., Rigalma, K., Lambert, C., Corporeau, C., Bujeon, J., Harney, E., **Enez, F., Haffray, P.,** Boudry, P., 2017. Heritability of different biologic traits in the European abalone *Haliotis tuberculata* in the context of its domestication and selective breeding. Physiomar'2017, 18-21 September 2017, Cambridge, England.
- 17 Pérez-Enríquez, R., Max-Aguilar, A., Nolasco-Alzaga, H.R., Robles-Cota, C., Palacios-Metechnov, E., Pasquier, S., **Haffray, P., Bestin, A.,** Bugeon, J., 2017. SNPs as genetic markers for whiteleg shrimp *Litopenaeus vannamei* family identification in common rearing to estimate GxE and heritability. World Aquaculture Congress. Cape Town, South Africa, June 26-30, 2017.
- 18 Palaikostas, C., Cariou, S., Bruant, J-S., **Haffray, P., Morin, T.,** Houston, R. 2017. Investigation of genetic resistance to viral nervous necrosis in European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) using RAD sequencing. In: "European Aquaculture Society", Dubrovnik, Croatia, 17-20 october 2017.

### 5- Communications dans des journées scientifiques nationales

- 19 **Alnahhas N., Bailliard A., Chapuis H., Boulay M., Vanbergue E., Guémené D.,** 2017. La taille efficace d'une population dépend autant du mode de gestion que du nombre de reproducteurs utilisés. 12<sup>ème</sup> Edition des journées de la recherche avicole et palmipèdes à foie gras. Tours, 5 - 6 Avril, 2017.
- 20 **Chapuis H., Alnahhas N., Vanbergue E., Boulay M., Guémené D.,** 2017. Méthodes de gestion des populations à petits effectifs. 12<sup>ème</sup> Edition des journées de la recherche avicole et palmipèdes à foie gras. Tours, 5 - 6 Avril, 2017.
- 21 **François, Y., Alnahhas, N., Brard, S., Chapuis, H.,** A., Elsen, J. M., Le Roy, P., 2017. Modélisation déterministe d'un schéma de sélection avicole. 12<sup>ème</sup> Journées de la Recherche Avicole et des Palmipèdes à Foie-Gras, 5 & 6 avril 2017, Tours.
- 22 **Guémené D.,** 2017. Colloque Volailles d'hier et d'aujourd'hui : Participation à la Table Ronde. Première journée d'étude du Pôle Alimentation, 4 avril 2017, Tours.
- 23 **Restoux, G., Rognon, X., Vieaud, A., Guémené, D., Chiron, Geoffrey3, Petitjean, F., Seigneurin, F., Vasilescu, A., Tixier-Boichard, M.,** 2017. Caractérisation génétique des races locales françaises de poules : projet BioDivA. 12<sup>ème</sup> Journées de la Recherche Avicole et des Palmipèdes à Foie-Gras, 5 & 6 avril 2017, Tours.

### 6 - Communications dans des réunions techniques ou scientifiques à public restreint

- 24 **D'Ambrosio, J.,** 2017. Sélection génomique chez la truite arc-en-ciel, 1<sup>er</sup> comité de thèse. (SYSAAF)
- 25 **D'Ambrosio, J., Brard-Fudulea, S., Haffray, P., Morvezen, R.,** Poncet, C., Dupont-Nivet, M., Phocas, F. 2017. Sélection génomique chez la truite arc-en-ciel. Journées techniques aquacoles du SYSAAF. 7 & 8 décembre 2017, Rennes.
- 26 **D'Ambrosio, J., Brard-Fudulea, S., Haffray, P., Morvezen, R.,** Poncet, C., Dupont-Nivet, M., Phocas, F., 2017. Sélection génomique chez la truite arc-en-ciel (SG-Truite) : Objectif Développer des outils et des méthodes de SG techniquement et économiquement viables pour les entreprises trutticoles françaises et évaluer leur efficacité. Séminaire INRA SelGen, Paris, France, 28-29 septembre 2017.
- 27 **D'Ambrosio, J., Fraslin, C.** 2017. Première utilisation de la puce Affymetrix 57K Axiom pour les populations françaises de truite arc-en-ciel. Journées techniques aquacoles du SYSAAF. (SYSAAF)
- 28 **D'Ambrosio, J.,** Phocas, F., Dupont-Nivet, M., **Haffray, P., Morvezen, R., Brard-Fudulea, S.** 2017. Sélection génomique chez la truite arc-en-ciel. In : « Séminaire méta-programme INRA R2D2 », Noirmoutier, France, 13-15 décembre 2017.
- 29 **Bestin, A., Toubiana, A., Haffray, P.,** Cariou, S., Bruant, J-S., Ventre, F., Congy, S., Bugeon, J., Vandeputte, M., Allal, F., Vergnet, A., Allamellou, J.-M., 2017. Genetic parameters of fillet yield predictors in sea bass (FMD). Assemblée Générale Fishboost. 5-6 avril 2017. Vodnany, République Tchèque.
- 30 **Bestin, A., Tyran, A.-S., Haffray, P.,** Cariou, S., Bruant, J-S., Ventre, F., Congy, S., Desgranges, A., Bugeon, J., Vandeputte, M., Allal, F., Vergnet, A., Allamellou, J.-M., 2017. Summary of intermediate WP2 results utilization by French breeding companies in trout, sea bass and sea bream. Assemblée Générale Fishboost. 5-6 avril 2017. Vodnany, République Tchèque.



- 31 **Bestin, A.**, Brunel, O., Malledant, A., Benoît, P., **Guémené, D.**, Chapuis, H., **Haffray, P.**, 2017. Héritabilité des caractères de production de caviar chez l'esturgeon sibérien et interaction avec la croissance. Journée Technique Aquacole du SYSAAF. 7-8 décembre 2017, Rennes.
- 32 **Bestin, A.**, Bruant, J.-S., Cariou, S., Balma, P., Ventre, F., Allamellou, J.-M., Caprioli, J.-P., Bargelloni, L., Ferrarresso, S., Morin, T., **Haffray, P.**, 2017. Héritabilité de la résistance à Pasteurella chez la daurade dans 2 cohortes, corrélations génétiques avec les rendements de découpe et sélection génomique pasteurella. Journée Technique Aquacole du SYSAAF. 7-8 décembre 2017, Rennes.
- 33 **Bestin, A.**, **Enez, F.**, **Haffray, P.**, Petit, V., Doerflinger, J., Desgranges, A., Cachelou, F., Acin Perez, A., 2017. Héritabilité de la résistance à la flavobactériose chez 3 sélectionneurs et corrélations génétiques avec les caractères de production et de découpe. Journée Technique Aquacole du SYSAAF. 7-8 décembre 2017, Rennes.
- 34 **Brard-Fudulea, S.** 2017. Réunion de Transversalité Développements Génomiques. Test du weighted single-step sur les données Novogen : premiers résultats. (SYSAAF)
- 35 **Brard-Fudulea, S.**, 2017. De la sélection classique à la sélection génomique. Journées techniques aquacoles du SYSAAF. 7 & 8 décembre 2017, Rennes.
- 36 **Brard-Fudulea, S.** 2017. Programme CanArray : Point sur le budget et l'avancement du projet. (SYSAAF)
- 37 **Enez F.**, 2017. Best-Ov : Héritabilité des caractères de ponte chez la truite et corrélations génétiques avec la morphologie et les réserves adipeuses. Journées techniques aquacoles du SYSAAF. 7 & 8 décembre 2017, Rennes.
- 38 **Enez F.**, 2017. GenOyster : Simulation d'un schéma de sélection massale intra-groupe sur la survie. Journées techniques aquacoles du SYSAAF, 7 & 8 décembre 2017, Rennes.
- 39 **Enez F.**, 2017. Styli'SNPs : Héritabilité de la croissance, de la couleur crue et cuite et de la résistance aux vibrioses chez la crevette en Nouvelle-Calédonie. Journées techniques aquacoles du SYSAAF, 7 & 8 décembre 2017, Rennes.
- 40 **Enez F.**, 2017. RésiPal : Amélioration de la résistance à Vibrio tapetis chez la palourde par un challenge précoce. Journées techniques aquacoles du SYSAAF, 7 & 8 décembre 2017, Rennes.
- 41 **Enez F.**, 2017. Vivaldi : Amélioration de l'état sanitaire des cheptels conchylicoles européens. Journées techniques aquacoles du SYSAAF, 7 & 8 décembre 2017, Rennes.
- 42 **Fraslin, C.** 2017. Analyse génétique de la résistance à la flavobactériose chez la truite arc-en-ciel et perspectives en sélection. 1<sup>er</sup> comité de thèse. (SYSAAF)
- 43 **Fraslin, C.** 2017. Analyse génétique de la résistance à la flavobactériose chez la truite arc-en-ciel et perspectives en sélection. 2<sup>ème</sup> comité de thèse. (SYSAAF)
- 44 **Fraslin, C.** 2017. Identification de QTL de résistance à la flavobactériose dans des lignées isogéniques par bain ou injection. Journées techniques aquacoles du SYSAAF. 7 & 8 décembre 2017, Rennes. (SYSAAF)
- 45 **Fraslin, C.** 2017. Obtention des cartes génétiques. Journées techniques aquacoles du SYSAAF. 7 & 8 décembre 2017, Rennes. (SYSAAF)
- 46 **Fraslin, C.** 2017. QTL-Map, Analyses pour thèse CIFRE (SYSAAF)
- 47 **Guémené, D.** 2017. Le SYSAAF : Missions & Activités. 22 Mars 2017.
- 48 **Guémené, D.** 2017. Le SYSAAF : Missions & Activités. Avril. 2017.
- 49 **Guémené, D.** 2017. Le SYSAAF : Historique, Missions & Activités. Juillet 2017.
- 50 **Guémené, D.** 2017. Le SYSAAF : Historique, Missions & Activités. 7 Sept. 2017.
- 51 **Guémené, D.** 2017. Le Plan Stratégique Génétique Animale décliné pour les espèces avicoles. Conseil Spécialisé "Viandes Blanches" – FranceAgriMer. 19 Sept. 2017
- 52 **Guémené, D.** 2017. SYSAAF: A French expertise for commercial genetic selection program setting and technical management of avian and aquaculture species. March 31<sup>st</sup> 2017.
- 53 **Guémené, D.**, **Brard-Fudulea, S.**, **Alnahhas N.**, 2017. Le SYSAAF : Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français. 1<sup>ère</sup> Réunion UMT-Blrd 3. 31 Mars 2017. Tours.
- 54 **Haffray, P.** 2017. Le SYSAAF et le SYSAAF à LPGP. Mars 2017, Rennes.



- 55 **Haffray, P.** 2017. Oméga-Truite : Sélection pour améliorer la teneur en acides gras longs polyinsaturés N-3 par spectrométrie de diffusion Raman chez la truite arc-en-ciel, Journées techniques aquacoles du SYSAAF. 7 & 8 décembre 2017, Rennes.
- 56 **Haffray, P., Bestin, A., Enez, F., Tyran, A.-S., Doerflinger, J., Petit, V., Acin Perez, A., Cachelou, F., Bugeon, J., Bobe, J.,** 2017. Héritabilité des caractères de ponte chez la truite et corrélations génétiques entre 2 et 3 ans. Journée Technique Aquacole du SYSAAF. 7-8 décembre 2017, Rennes.
- 57 **Morvezen R.,** 2017. Introduction de la sélection génomique en truiticulture. Journées techniques aquacoles du SYSAAF. 7 & 8 décembre 2017, Rennes. (SYSAAF)
- 58 **Morvezen R.,** 2017. Génomique de la résistance à la Nécrose Nerveuse Virale (VNN) chez le bar. Journées techniques aquacoles du SYSAAF. 7 & 8 décembre 2017, Rennes. (SYSAAF)
- 59 **Morvezen R.,** 2017. Génomique de la résistance à la photobactériose chez la daurade royale. Journées techniques aquacoles du SYSAAF. 7 & 8 décembre 2017, Rennes. (SYSAAF)
- 60 Quillet, E., Bestin, A., Guiguen, Y., 2017. NeoBio (FranceAgrimer 2016, coordination INRA), bases génétiques et génomiques pour la production de néomâles sans hormones par traitement thermique. Journée Technique Aquacole du SYSAAF, 7-8 décembre 2017, Rennes.
- 61 **Thébault, N., Brard-Fudulea, S., Vignal, A., Riquet, J., Diot, C., Guémené, D.,** 2017. Mise au point d'une puce de génotypage pour les canards communs et de Barbarie. Journée du groupe Palmipèdes INRA, 3 octobre 2017, Bordeaux.

### 7 - Rapports d'activité, Propositions et Compte-rendu de programmes de recherche

- 62 Bigot, Y., **Brard-Fudulea, S.** 2017. Compte-rendu des travaux effectués dans le cadre du projet AviDeDisparition. (INRA-SYSAAF)
- 63 **d'Ambrosio, J., Fraslin, C., Phocas, F.,** 2017. Rainbow Trout Analysis Issues. (SYSAAF, INRA)
- 64 **d'Ambrosio, J.,** 2017. Résumé sur le tri des marqueurs de la puce 57K Truite. (SYSAAF)
- 65 **Fraslin, C.** 2017. Rapport d'activité ANRT à l'issue de la 1<sup>ère</sup> année de thèse CIFRE.
- 66 **Fraslin, C.** 2018. Rapport d'activité ANRT à l'issue de la 1<sup>ème</sup> année de thèse CIFRE.
- 67 Gagnaire, P-A., Liautard, C., Bierne, N. 2017. Rapport sur la découverte de marqueurs SNPs chez l'Oie à l'aide de banques RAD-seq pour Orvia. (CNRS)
- 68 Gagnaire, P-A., Liautard, C., Bierne, N. 2017. Rapport sur la découverte de marqueurs SNPs chez l'Oie à l'aide de banques RAD-seq pour Grimaud Frères Sélection. (CNRS)
- 69 Gagnaire, P-A., Liautard, C., Bierne, N. 2017. Rapport sur la découverte de marqueurs SNPs chez les perdrix et les faisans à l'aide de banques RAD-seq pour Gen'Ethic. (CNRS)
- 70 Gagnaire, P-A., Liautard, C., Bierne, N. 2017. Rapport sur la découverte de marqueurs SNPs chez *Litopenaeus stylirostris*. (CNRS)
- 71 Gagnaire, P-A., Liautard, C., Bierne, N. 2017. Rapport sur la découverte de marqueurs SNPs chez le maigre *Argyrosomus regius* à l'aide de banques RAD-seq. (CNRS)
- 72 Gagnaire, P-A., Liautard, C., Bierne, N. 2017. Rapport sur la découverte de marqueurs SNPs chez le turbot *Scophthalmus maximus* à l'aide de banques RAD-seq. (CNRS)
- 73 **Guémené, D.** 2017. Compte Rendu d'Activité du SYSAAF 2016. 96p.
- 74 **Guémené, D.** 2017. Programme Génétique Avicole et Aquacole National 2017 (PNDAR). Action élémentaire 3 : Gestion du patrimoine zoogénétique et de la biodiversité d'espèces Avicoles et Aquacoles. Programme Génétique Animale CASDAR. 16p.
- 75 **Guémené, D.** 2018. Dossier CIR SYSAAF : Fiche descriptive du projet R&D conduit par le SYSAAF en 2017. 45p.
- 76 **Haffray, P., Bestin, A., Enez, F., Tyran, A.-S., Doerflinger, J., Petit, V., Perez, A. A., Cachelou, F., Bugeon, J., and Bobe, J.** (2017). CR Final Programme "BestOv : Amélioration génétique de la production de caviar et d'œufs embryonnés chez la truite." Conventions FranceAgrimer n°2014-0823 et 2016-052.
- 77 Labogena DNA, 2017. Rapport sur la création d'un panel SNP pour l'assignation de parenté chez la Crevette Bleue.
- 78 Lachambre, S. Harney, E., Roussel, S., Huchette, S., Bujeon, J., **Bestin, A., Enez, F., Morvezen, R., Haffray, P., Boudry, P.,** 2017. Réunion de transversalité SYSAAF : Développements génomiques. Développement d'un



panel de SNPs pour assignation de parenté chez l'orveau européen *Haliotis tuberculata*. (SYSAAF, Ifremer, CNRS, UBO).

- 79 **Larre, K.**, 2017. Résultats de sélection du poulet de Bresse. Commission de sélection de la volaille de Bresse. St Etienne du Bois, France. 22 mars 2018 (communication orale).
- 80 **Thébault, N.** 2017. Programme CanArray : Mise au point d'une puce de génotypage pour les canards Communs et de Barbarie. (INRA-SYSAAF)
- 81 **Thébault, N.** 2017. SNP-Cailles : Analyses de séquences, obtention de SNP et détection de traces de sélection chez la caille. 5p. (INRA-SYSAAF)
- 82 **Brard-Fudulea, S.** 2017. Rapport d'avancement du projet RefGenDivA. (SYSAAF)

## **8 - Documents diplômants (Agents et Stagiaires encadrés)**

### **10 - Documents internes**

- 83 **Guémené, D.** 2017. Compte-Rendu du Conseil d'Administration du SYSAAF du 7 Fév. 2017. 6p et 3 annexes. Document interne (Communication orale et Diaporama [33 Diapositives]).
- 84 **Guémené, D.**, 2017. Compte-Rendu du Conseil d'Administration (Téléphonique) du SYSAAF du 26 Avril 2017. 10p et 3 annexes. Document interne (Communication orale et Diaporama [18 Diapositives]).
- 85 **Guémené, D.** 2017. Compte-Rendu du Conseil d'Administration (Téléphonique) du SYSAAF du 31 mai 2017. 3p et 1 annexe. Document interne.
- 86 **Guémené, D.** 2017. Relevé de décision du Conseil d'Administration en 2016, du SYSAAF du 13 Juillet 2016. 1p. Document interne.
- 87 **Guémené, D.** 2017. Compte-Rendu du Conseil d'Administration du SYSAAF du 18 Octobre 2017. 10p et 3 annexes. Document interne.
- 88 **Guémené, D.** 2017. Procès-Verbal de l'Assemblée Générale Ordinaire du SYSAAF du 31 Mai 2017. Coulans sur Gée (53), France. 11p et 6 annexes. Document interne (Communication orale et Diaporama).





## Annexe 5 : Formations suivies par les agents du SYSAAF en 2017

*(Liste non-exhaustive)*

### Formations externes suivies par les agents du SYSAAF

- 1 Accompagnement par « Mots d'Action ». 6 sessions de 2h entre le 25 avril et le 29 juin à Rennes et Angers. **(Anastasia Bestin)**
- 2 Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques. Populations, Gestion des ressources génétiques. Paris, 23-27 janvier 2017. **(Anastasia Bestin, Amélie Bailliard, Yoannah François, Katixa Larre, Florian Enez)**
- 3 Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques. Génome et biotechnologies. Paris, 23-27 octobre 2017. **(Anastasia Bestin, Amélie Bailliard, Katixa Larre)**
- 4 Diplôme Universitaire de Concepteur de procédures en expérimentation animale (Tours, Novembre 2017) **(Nabeel Alnahhas)**
- 5 Formation à la sélection génomique intra-famille, As (Norvège), 7-9 juin 2017 **(Sophie Brard-Fudulea)**
- 6 Formation Bases de données, Master CCI – U. François Rabelais de Tours. Sept. – Nov. 2017 **(Katixa Larre)**
- 7 Formation BioPython. Formation BioPython : Utilisation du langage de programmation Python en Bio-informatique (Tours, Mai 2017). **(Nabeel Alnahhas)**
- 8 Méta-programme SelGen R2D2, Noirmoutier, 12-15 décembre 2017 **(Sophie Brard-Fudulea)**

### Formations dans le cadre de participations à des congrès et journées techniques

- 9 European Symposium on Poultry Genetics, Saint-Malo, 26-28 juin 2017 **(Sophie Brard-Fudulea, Nabeel Alnahhas, Daniel Guémené)**
- 10 Journées Techniques Aquacole du SYSAAF, Rennes, 8 & 9 décembre 2017 **(Sophie Brard-Fudulea, Anastasia Bestin, Yoannah François, Romain Morvezen, Pierrick Haffray, Clémence Fraslin, Jonathan d'Ambrosio)**
- 11 12<sup>ème</sup> Journées de la Recherche Avicole et des Palmipèdes à Foie-Gras, 5 & 6 avril 2017, Tours. **(Sophie Brard-Fudulea, Daniel Guémené)**
- 12 Colloque Big Data en sciences biologiques (Tours, Juin 2017). **(Nabeel Alnahhas)**
- 13 8<sup>èmes</sup> Jeudis de la WPSA : Nantes, 2017 **(Nabeel Alnahhas, Daniel Guémené)**
- 14 8<sup>th</sup> International Symposium on Sturgeon. Vienne, Autriche, 11-15 Sept. 2017 **(Anastasia Bestin)**
- 15 Aquaculture Europe 2017. Dubrovnik, Croatie, 17-20 Oct. 2017 **(Anastasia Bestin)**
- 16 Assemblée générale Programme FishBoost, Vodnany, République Tchèque, 5-6 avril **(Anastasia Bestin, Anne-Sophie Tyran)**
- 17 X<sup>th</sup> European Symposium on Poultry Welfare. Ploufragan, France, 20-22 juin 2017 **(Daniel Guémené)**

### Formations internes suivies par les agents du SYSAAF

- 18 Formation aux chantiers d'éclosion pedigree, NovoGen, Février 2017 **(Nabeel Alnahhas, Sophie Brard-Fudulea)**.
- 19 SYSAAF. Formation génomique (partie II) : Utilisation de l'information génomique en évaluation [08 /02/2017] (Formatrice : **Sophie Brard-Fudulea**)
- 20 SYSAAF. Formation à la chaîne de traitement génomique [21-22/06/2017] (Formatrice : **Sophie Brard-Fudulea**)
- 21 Initiation aux outils de l'évaluation génétique: AS-REML et WOMBAT. Mai 2017. (Formateur : **Nabeel Alnahhas**)
- 22 Formation à l'utilisation de Blupf90. (F. Enez, Formateur : **Nabeel Alnahhas**)



## Thèses en cours

- 23 Clémence Frasin.** (2016-2018) Sélection pour améliorer la résistance à la flavobactériose chez la truite arc-en-ciel. Encadrement par Edwige Quillet (INRA)
- 24 Jonathan d'Ambrosio.** (2017-2020) Sélection génomique chez la truite arc-en-ciel. Encadrement par Florence Phocas et Mathilde Dupont-Nivet (INRA)
- 25 Ronan Griot** (2018-2021) Développement d'outils et méthodes de sélection génomique pour le bar et la daurade. Encadrement par Marc Vandeputte (INRA), François Allal (Ifremer) et Sophie Brard-Fudulea (SYSAAF).
- 26 Marion Charrier** (2018-2021) Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement des descendants, sa transmission épigénétique et ses conséquences adaptatives" chez la caille japonaise, et la perdrix rouge. Encadrement par Cécilia Houdelier (CNRS) et Ludovic Calandreau (INRA).

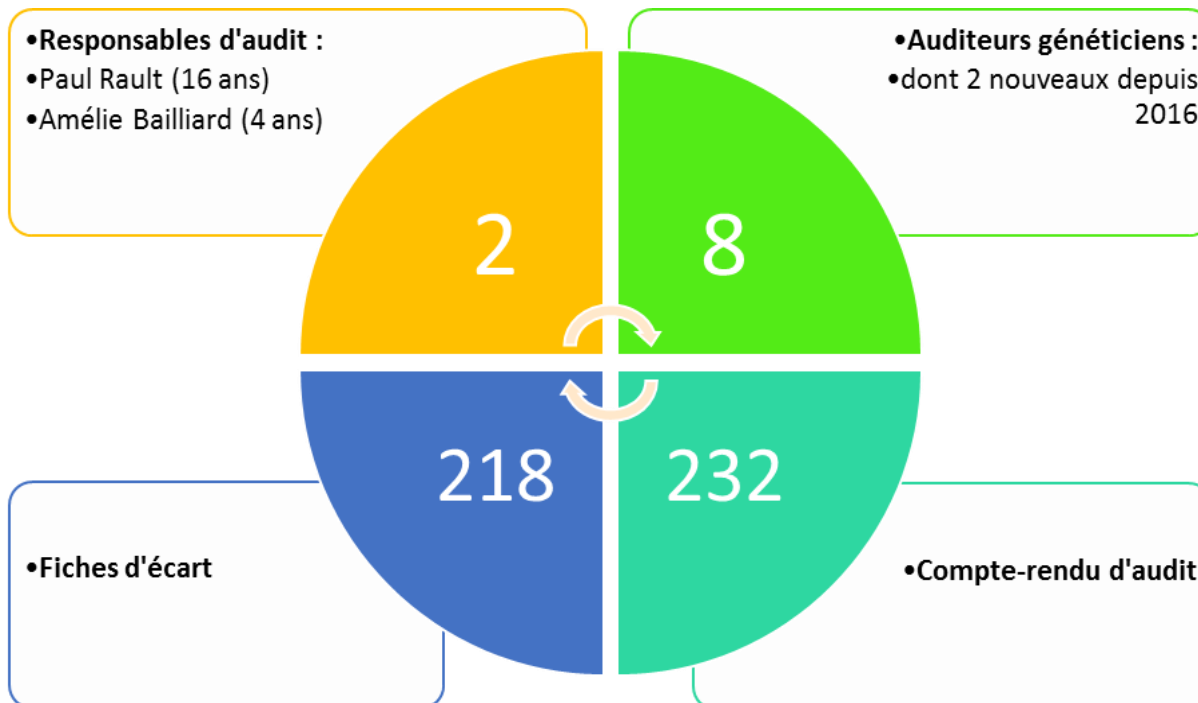
## Annexe 6 : Formations et enseignements organisés et/ou assurés par les agents du SYSAAF en 2017

- 1** AgroCampusOuest, Chaire d'Halieutique. 2017. Bases pour la sélection génétique des espèces aquacoles. Rennes, Formation Master 2 (**Pierrick Haffray**)
- 2** AgroCampusOuest, Chaire d'Halieutique, 2017. Rôle du SYSAAF dans l'amélioration génétique des espèces aquacoles françaises. Rennes, Formation Master 2 (**Pierrick Haffray**)
- 3** AgroSupDijon 3<sup>ème</sup> année Ingénieur. Productions animales. Tour d'horizon de la sélection avicole et de la sélection génétique avicole. Dijon, France. Fév. 2017. (**Nabeel Alnahhas**).
- 4** BordeauxSciencesAgro. 3<sup>ème</sup> Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. La sélection avicole. 1 Février 2017. (**Sophie Brard**)
- 5** BordeauxSciencesAgro. 3<sup>ème</sup> Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. Bien-être au sein des filières avicoles : De la recherche à la finalisation. 20 Sept. 2017. (**Daniel Guémené**),
- 6** BordeauxSciencesAgro. 3<sup>ème</sup> Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. Bien-être au sein des filières avicoles : La directive « Pondeuse-2012» (99/74/CE). Ses implications pour les systèmes d'élevage et les enseignements de l'expérimentation ? 20 Sept. 2017. (**Daniel Guémené**),
- 7** BordeauxSciencesAgro. 3<sup>ème</sup> Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. Bien-être, gavage et production de foie gras : Quels sont les enseignements de l'expérimentation ? 20 Sept. 2017. (**Daniel Guémené**),
- 8** BordeauxSciencesAgro. 1<sup>ère</sup> Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. (S6 module optionnel : Reproduction et sélection, La sélection génétique aquacole et le rôle du SYSAAF. 22 juin 2017 (**Anastasia Bestin**)
- 9** Université de Tours, UFR Sciences et Techniques. Master 1. Productions animales. Génétique factorielle et sélection avicole. (**Maryse Boulay**).

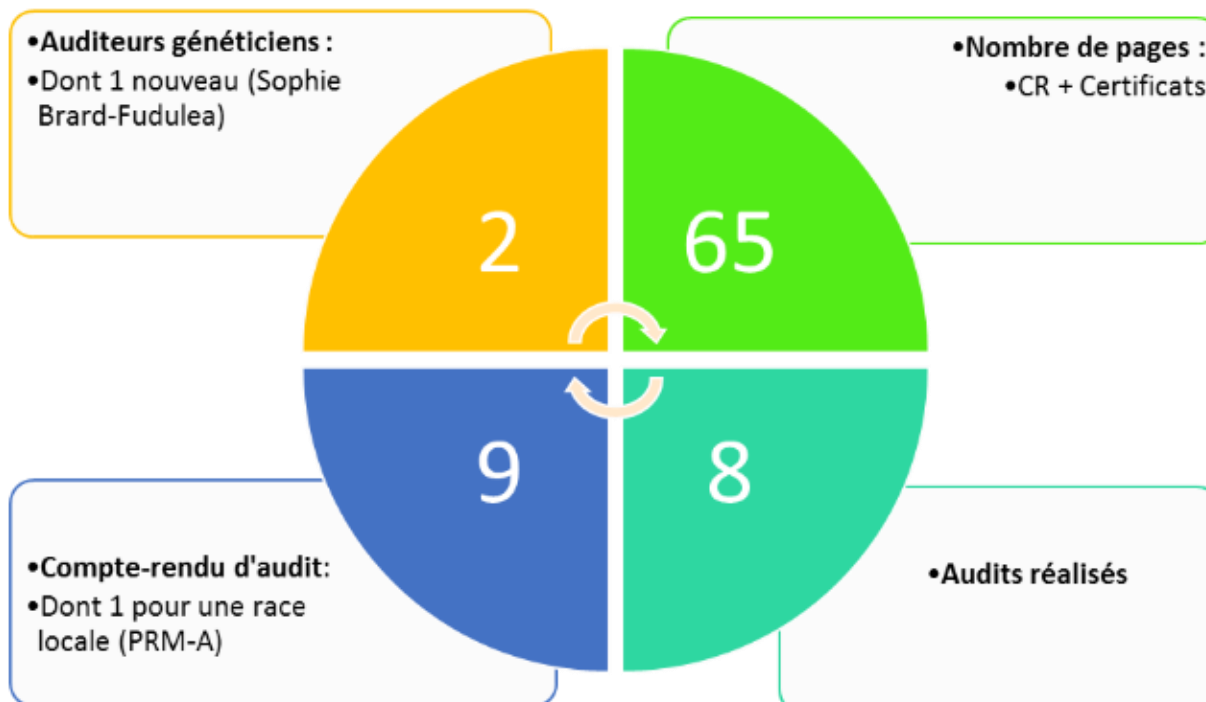


## Annexe 7 : Référentiel & Audits : les chiffres clés

### Depuis 1999...



### En 2017...



Les audits des adhérents du SYSAAF sont réalisés par deux salariés, sous la responsabilité de Mme Amélie Bailliard depuis 2015.



## Annexe 8 : Démarche Qualité

« La démarche qualité au profit des services administratifs & financiers et de la Direction »

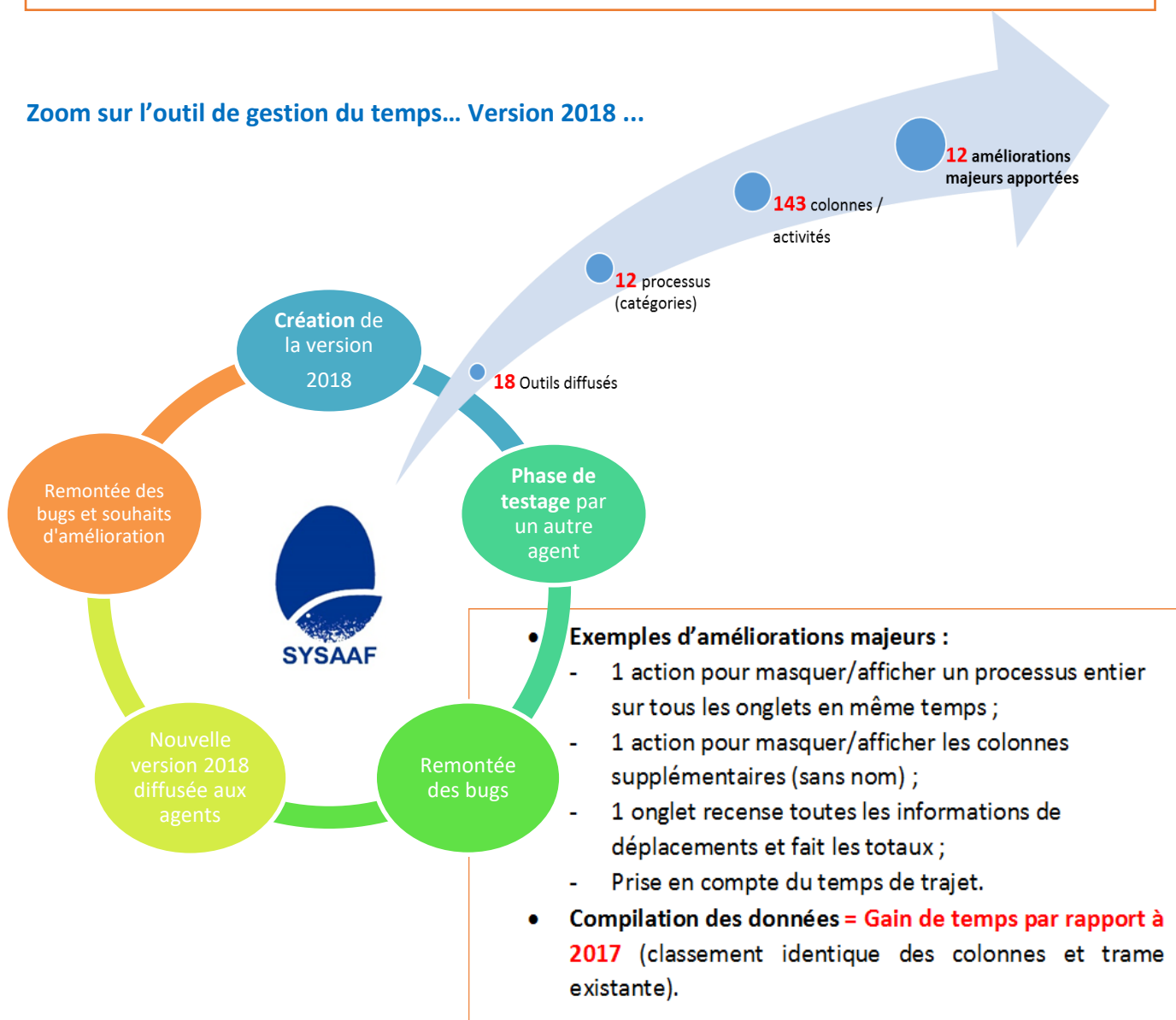
### Zoom sur le classeur de remboursement des frais de déplacement 2017

**17 outils personnalisés** (prénom, nom et codes comptables) ont été créés afin que chaque salarié conserve ses feuilles de déplacement dans un seul outil contenant :

- 1 feuille par semaine (soit 52 feuilles)
- 1 feuille récapitulante et comptant tous les déplacements et leurs frais associés

- Comme l'outil de gestion du temps, il **permet de comptabiliser le nombre de jours en déplacement annuellement ainsi que les frais associés**. Un onglet recense automatiquement tous les déplacements,
- Des améliorations ont été apportées pour faciliter leur remplissage par les salariés,
- **Il engendre un gain de temps pour le service financier** car le détail des frais reste apparent dans les cellules.

### Zoom sur l'outil de gestion du temps... Version 2018 ...





## Annexe 9 : Analyse de ploïdie par cytométrie de flux

Ce service pris en charge par l'ensemble des agents de la section aquacole de Rennes permet aux adhérents de contrôler le niveau de ploïdie de leurs lots de production (triploïdie pour garantir la stérilité des lots). De l'ordre de 7520 individus ont été testés en 2017, représentant 131 heures de travail cumulé (Figure 1). Des analyses sont programmées tout au long de l'année (Figure 2). 4 entreprises ont sollicité ce service de contrôle de ploïdie (Figure 3). Les échantillons analysés restent majoritairement des alevins (94% des analyses), le reste des analyses provenant de la dissection d'œufs (6%) (Figure 4). La proportion d'alevins analysés est en augmentation par rapport à 2016 (+17,6%). La totalité des tests est réalisée pour des salmonidés d'eau douce, avec une majorité de truites arc-en-ciel (Figure 5).

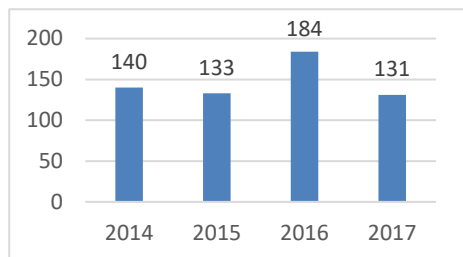


Figure 1: Nombre d'heures d'analyses par année

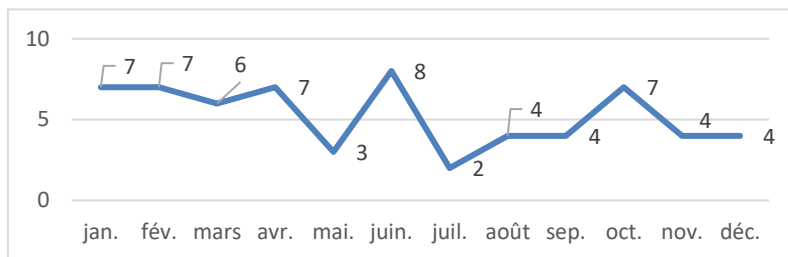


Figure 2 : nombre de sessions de cytométrie par mois

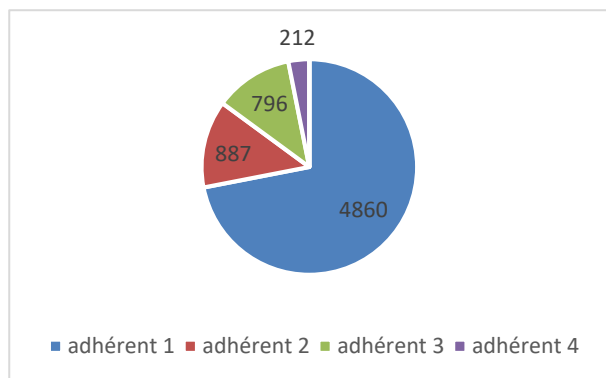


Figure 3: Volume d'analyses par adhérent

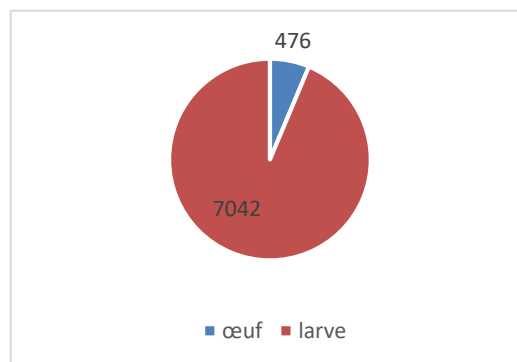


Figure 4 : Volumes d'analyses par type d'échantillon

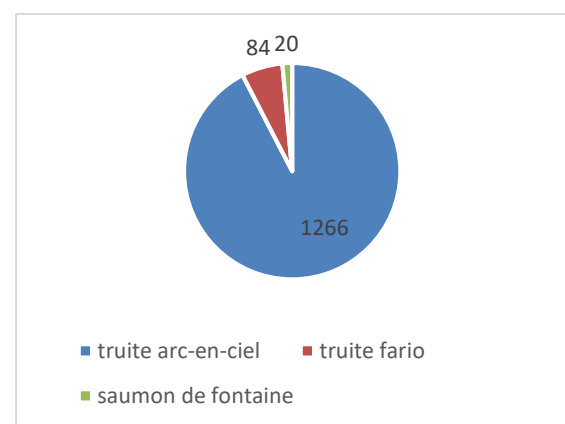


Figure 5 : Volumes d'analyses par espèce



## **Annexe 10 : Liste des Activités de Gestion Administratives et Financières**

La liste des activités de gestion administrative et financière à assumer au sein du SYSAAF est importante et leur diversité nécessite la mise en œuvre de compétences variées. L'ensemble des agents est ponctuellement concerné, mais ces activités ont pour l'essentiel été assumées en 2017 par Rosine Richer, Marie-Christine Moreau et Daniel Guémené, ainsi que par Pierrick Haffray pour des aspects concernant plus spécifiquement le secteur aquacole. Ces différentes activités sont diversement chronophages et complexes, mais la gestion des programmes de recherche, notamment ceux dont le SYSAAF est porteur, l'est tout particulièrement. Les activités peuvent être réparties selon les rubriques suivantes :

### **Secrétariat de Direction**

- Accueil téléphonique et physique (MCM & RR),
- Gestion du courrier (MCM & RR),
- Convocation, organisation et participation au déroulement des Conseils d'Administration et à l'Assemblée Générale (MCM),
- Dialogue avec les commissaires aux comptes, les banques, les organismes sociaux et fiscaux, les financeurs, les adhérents, les fournisseurs, le personnel, etc... (MCM & RR)

### **Gestion Comptable**

- Analyse et traitement des pièces comptables (MCM & RR),
- Contrôle interne de gestion (RR),
- Réalisation des travaux de clôture annuelle (RR),
- Réalisation des bilans annuels (RR) et de clôture des programmes expérimentaux (MCM & RR).

### **Gestion financière**

- Suivi de trésorerie (RR),
- Gestion de flux et de soldes bancaires (RR),
- Rapprochements bancaires (RR).

### **Gestion analytique**

- Budgets prévisionnels (RR).

### **Gestion Fiscale**

- Déclarations de TVA, impôts sur les sociétés, taxe sur les salaires, formation professionnelle continue (RR).

### **Gestion administrative**

- Facturation et recouvrement de créances (MCM),
- Paiement des fournisseurs (MCM),
- Conception et réalisation de dossiers de présentation (MCM & RR),
- Gestion des notes de frais et paiements par virements bancaires (MCM),
- Gestion des commandes et des stocks de fournitures (MCM),
- Gestion administrative et financière des programmes de R & D (MCM & RR).

### **Gestion des ressources humaines**

- Gestion des dossiers du personnel (MCM),
- Etablissement des bulletins de salaires (RR),
- Paiement des salaires (MCM & RR),
- Gestion des congés payés et RTT (RR),
- Déclarations aux organismes sociaux (RR).

### **Veille juridique**



## Annexe 11 : Liste et nature des implications d'agents ou adhérents du SYSAAF présents dans les instances décisionnelles de structures partenaires

- **AGENAVI** : Conseil d'Administration - **D. Guémené**,
- **Anses** : Comité d'Orientation Thématique (COT) - **D. Guémené**,
- **CIP** : Conseil d'Administration - **D. Guémené**,
- **CIFOG** : Commission Scientifique, Club des Amoureux du Foie Gras - **D. Guémené**,
- **CNAG** : Commission Nationale d'Amélioration Génétique
  - o Membres du comité consultatif pour l'espèce porcine, les lapins, les volailles et les espèces élevées dans des exploitations aquacoles :
    - **M. Blanchet**,
    - **D. Guémené**,
    - **E. Mazeiraud**,
    - **B. du Mesnildot**,
    - **L. Salles**,
  - o Membres de la commission permanente restreinte inter-espèce de la CNAG
    - **D. Guémené**,
    - **E. Mazeiraud**.
  - o Membres de la commission scientifique de la CNAG
    - **D. Guémené**,
- **CSNPFG** : Membre – **D. Guémené**,
- **EFFAB** : Membre – **D. Guémené & P. Haffray**,
- **FRB** : Comité d'Orientation Stratégique (COS) - **D. Guémené**,
- **GIS Cryobanque Nationale** : Conseil de Groupement - **A. Bailliard**, puis **M. Reverchon**
- **GIS Avenir-Elevage** : Directoire opérationnel - **D. Guémené** (Suppléante : S. Brard Fudulea) & Comité Stratégique- **S. Brard Fudulea** (Suppléant : N. Alnahhas)
- **GIS Pisciculture-Demain** : Comité Stratégique - **D. Guémené** & Comité Scientifique - **P. Haffray**,
- **ITAVI** : Conseil Scientifique - **D. Guémené**,
- **SNA** : Commission Bien-être - **D. Guémené**,
- **JRFP** : Comité d'organisation - **P. Haffray**.
- **WPSA** (Branche Française) : Conseil d'Administration - **D. Guémené**,
- **WPSA** (Branche Européenne) - **Groupe 3** (Poultry Genetic) : CA - **D. Guémené**,
- **WPSA** (Branche Européenne) - **Groupe 9** (Poultry Welfare & Management) : CA - **D. Guémené**,
- **EPSG** (X<sup>th</sup> European Poultry Symposium in Genetic), **Congrès, 26-28 Juin 2017, St. Malo**. Organisation : **Groupe 3** (Poultry Genetic) de la Branche Européenne de la **WPSA** : Comité d'organisation et Comité Scientifique - **D. Guémené**,
- **X<sup>th</sup> European Poultry Welfare and Management Meeting, Congrès, 19-22 Juin 2017, Ploufragan**. Organisation : **Groupe 9** (Poultry Welfare & Management) de la Branche Européenne de la **WPSA** : Comité d'organisation et Comité Scientifique - **D. Guémené**,
- **WPC 2020** (World Poultry Congress), **Congrès 2020, Paris**. Organisation : **Branche Française de la WPSA** : Comité d'organisation et Comité Scientifique - **D. Guémené**,



**Annexe 12 : Ordre du Jour de l'Assemblée Générale Ordinaire du SYSAAF du 31 Mai 2017**

*(Salle de Réunion de la CAFEL- Les Fermiers de Loué « La Cour du Bois », 72550 Coulans sur Gée)*

**8h30 : Accueil à la CAFEL- Les Fermiers de Loué « La Cour du Bois » à Coulans sur Gée, 72550.**

**8h45 : Assemblée Générale Ordinaire :**

Ouverture par M. Emmanuel Mazeiraud (Président du SYSAAF) & Comptes rendus annuels

- Rapport d'activité 2016..., Illustré au travers de faits marquants.
- Election pour le renouvellement des administrateurs,
- Demande d'adhésion,
- Rapport financier :
  - Présentation des Comptes 2016,
  - Rapport du Commissaire aux Comptes,
  - Approbation des Comptes 2016,
  - Quitus au Trésorier,
  - Affectation du résultat,
  - Proposition et adoption du montant des cotisations et des prestations 2017,
  - Présentation et adoption du Budget Prévisionnel 2017,
  - Statut fiscal du SYSAAF.
- Questions diverses.

**10h15 : Pause-café**

**10h30 : Thèmes d'actualité :**

- Des origines à nos jours, du SNAA, au SYSAAF, en passant par le SYSAF... Témoignage de Maryse Boulay,
- De nouvelles compétences au SYSAAF ; Qui, pourquoi faire et avec qui ?...  
par Katixa Larre, Yoannah François et Romain Morvezen,
- Les défis sociétaux : Regard d'une filière et enjeux pour la sélection ? avec Yves de la Fouchardière.

**12h00 : Clôture de l'Assemblée Générale Ordinaire**

**12h15 : Conseil d'Administration (réservé aux administrateurs : ordre du jour spécifique)**

**12h30 : Déjeuner à l'Auberge du Grand Veneur (M. & Mme Levé, 47 rue Nationale, 72550 Coulans sur Gée).**

-----  
**En complément le 30 Mai 2017 : Journée technique SYSAAF**

**13h00 :** *(A partir de)* Accueil à l'Hôtel "Auberge de La Foresterie" Best Western, Route de Laval, 72000 Le Mans.

**14h00 :** Accueil à la CAFEL- Les Fermiers de Loué « La Cour du Bois » à Coulans sur Gée (72550).  
Présentation de la filière des Fermiers de Loué par Yves de la Fouchardière (Directeur)

**15h30 :** Départ pour ALIFEL, usine d'aliments des volailles de Loué, situé à Loué ;  
Puis visite d'un élevage de volailles fermières de Loué

**18h00 :** Retour à l'Hôtel.

**18h30 :** Départ pour une visite du Vieux Le Mans, avec Yves de la Fouchardière.

**20h00 :** Retour à l'Hôtel.

**20h30 :** Dîner à l'Hôtel "Auberge de La Foresterie".





## Annexe 13 : Programme des Journées Techniques Aquacoles du SYSAAF (7-8 décembre 2017, Rennes)

### Jeudi 7 décembre

9h00 : Début des Journées Techniques de la Section Aquacole

- Introduction 10' : Programmes & organisation pratique (**P. Haffray**, SYSAAF)
- De nouveaux salariés à la section aquacole :
  - Ingénieurs : **R. Morvezen**, SYSAAF)
  - Etudiants en thèse CIFRE au SYSAAF : **C. Fraslin, J. D'Ambrosio et R. Griot**, SYSAAF)
- Rappel sur les notions de bases en sélection (**N. Alnahhas**, SYSAAF)
  - Héritabilité et corrélations génétiques
  - Valeurs génétiques et précision des valeurs génétiques
  - Méthodes de sélection
- De la sélection à la sélection génomique.
  - Petits rappels ou grandes découvertes ? (**S. Brard-Fudulea**, SYSAAF)
  - C'est quoi un SNP ?
  - Principes de la sélection génomique et précision des valeurs génomiques
  - De premiers résultats en aquaculture chez des concurrents
- Outils et sélection génomiques (**S. Brard-Fudulea**, SYSAAF)
  - Transfert de l'assignation de parenté vers les SNP.
  - Opportunités et démarches proposées

10h30 : Pause

10h40 : Reprise des présentations

- Vers l'accélération de l'application de la sélection génomique en aquaculture au SYSAAF ?
  - Perspectives d'application avec des tarifs groupés & Implications pour les adhérents et le SYSAAF.
- Amélioration des performances de pontes chez la truite arc-en-ciel (Prog. BestOv) :
  - Héritabilité des caractères de ponte chez la truite et corrélations génétiques avec la morphologie et les réserves adipeuses (**F. Enez**, SYSAAF)
  - Héritabilité des caractères de ponte chez la truite et corrélations génétiques entre 2 et 3 ans (**A. Bestin**, SYSAAF)
- Visegg, pour le phénotypage haut-débit des caractères de qualité des ovocytes et des œufs (J. Bugeon, INRA)
- Héritabilité des caractères de production de caviar chez l'esturgeon sibérien et interaction avec la croissance (**A. Bestin**, Programme KViAr)

12h30 : Pause repas

13h45 : Reprise des présentations (Amphithéâtre Daniel Grandjean, Institut de Chimie de Rennes, Bâtiment B10, rez-de-chaussée)

- Amélioration génétique de la résistance au VNN chez le bar (Prog. FishBoost, RE-Sist)
  - Héritabilité de la résistance au VNN chez les populations sauvages (F. Allal, Ifremer, 20')
  - Héritabilités de la résistance au VNN, corrélations génétiques avec la résistance à *Vibrio harveyi* et avec les rendements de découpe dans 3 cohortes de 2 lignes commerciales (**A-S. Tiriou**, SYSAAF)
  - Premiers résultats vers une sélection génomique (**R. Morvezen**, SYSAAF)



- Amélioration génétique de la résistance à la Pasteurella (Prog. FishBoost, RE-Sist)
  - Héritabilité de la résistance à Pasteurella chez la daurade dans 2 cohortes, corrélations génétiques avec les rendements de découpe et sélection génomique pasteurella (**A. Bestin**, SYSAAF)
  - Premiers résultats vers une sélection génomique (**R. Morvezen**, SYSAAF)
- Amélioration génétique de la résistance à la flavobactériose chez la truite (Prog. RE-Sist, FishBoost & 57K-Truite)
  - Héritabilité de la résistance à la flavobactériose chez 3 sélectionneurs et corrélations génétiques avec les caractères de production et de découpe (**A. Bestin**, SYSAAF)
  - Identification de marqueurs QTL de résistance à la flavobactériose en lignées consanguines par bain ou par injection (**C. Fraslin**, SYSAAF)

16h00 : Pause

16h20 : Reprise des présentations

- Première utilisation de la puce Affymetrix 57K Axiom pour caractériser le déséquilibre de liaisons dans les populations françaises de truite et identifier des marqueurs de résistance à la flavobactériose par GWAS (**C. Fraslin**, SYSAAF)
- Héritabilité des caractères de croissance et qualitatifs chez l'ormeau (S. Lachambre, France Haliotis, Prog. GenOrmeau)
- Héritabilité de la croissance, de la couleur crue et cuite et de la résistance aux vibrioses chez la crevette bleue en Nouvelle Calédonie (F. Enez, SYSAAF, Prog. StyliSNPs)
- Héritabilité des caractères de croissance et de teneurs en acides gras de l'hémolymphe chez la crevette à pattes blanche *L. vannamei* (F. Enez, SYSAAF)
- Reconstruction de pedigrees à partir de SNP robustes et premières application de la puce Affymetrix 57K Axiom huître creuse et huître plate (JB Lamy, Ifremer)
- Premiers résultats d'analyse de risque de perte de variabilité génétique en sélection massale intra-groupe chez l'huître creuse assistée par un panel d'assignation SNP (**F. Enez**, SYSAAF, Prog. GenOyster)

18h20 : Fin de la 1<sup>ère</sup> journée des Journées Techniques de la Section Aquacole

## Vendredi 8 décembre

9h00 : 2<sup>nde</sup> journée des Journées Techniques de la Section Aquacole (Amphithéâtre N, ESIR)

- Amélioration de l'efficacité alimentaire chez le bar
  - Efficacité d'une sélection sur la résistance au jeun (F. Allal, IFREMER)
  - Premiers résultats sur la sélection individuelle sur l'efficacité alimentaire chez le bar (M. Besson, Ifremer)
- Etat des collections constituées et collections à constituer (**P. Haffray**, SYSAAF, Prog. CRB-Anim, Grand Emprunt)
- Truite : ThermoTac, sélection sur l'aptitude aux changements de température (M. Dupont-Nivet, INRA)

10h20 : Pause

10h40 : Reprise des présentations

- Huître : Héritabilité de la résistance à *Vibrio aesturianus* chez l'huître creuse et corrélations génétiques avec la croissance ou la résistance à OHsV1 (L. Dégremont, Ifremer)



- Sensibilités des huîtres creuses 2n ou 3n à l'infection par *Vibrio aesturianus* (L. Dégremont, Ifremer)
- Présentation du projet AgreeFish et de la journée de retransmission des résultats envisagée (M. Dupont-Nivet, INRA, Prog. ANR)
- Présentation des projets R&D impliquant le SYSAAF acceptés :
  - SG-Truite (FranceAgrimer 2016, coordination SYSAAF), développement de la sélection génomique chez la truite (**R. Morvezen**, SYSAAF)
  - GénéSea (FranceAgrimer 2016, coordination Ifremer), développement de la sélection génomique chez le bar et la daurade (François Allal, Ifremer)
  - Sex'n Perche (FranceAgrimer 2016, coordination INRA), monosexage hormonal et génomique de la perche (Y. Guiguen, INRA)
  - NeoBio (FranceAgrimer 2016, coordination INRA), bases génétiques et génomiques pour la production de néomâles sans hormones par traitement thermique (E. Quillet, INRA)
  - PerformFish (H2020, coordination Université Thessali) : Amélioration de l'efficacité de la production de bar et de daurade à l'échelle Européenne (M. Vandeputte, INRA)
  - Vivaldi (H2020, coordination Ifremer) : Amélioration de l'état sanitaire des cheptels conchylicoles Européens. Paramètres génétiques de la résistance à OHsV1 chez l'huître creuse et à *V. tapestris* et à *Perkinsus* chez la palourde japonaise (**F.Enez**, SYSAAF)

12h40 : Pause repas

14h00 : Reprise des présentations (Amphithéâtre Daniel Grandjean, Institut de Chimie de Rennes, Bâtiment B10, rez-de-chaussée)

- Projets déposés à FranceAgrimer en 2017 : (En cours d'examen)
  - Data-Eat (coordination CIRAD), amélioration de l'efficacité alimentaire chez le tilapia et proposition de schémas de gestion génétique des souches à La Réunion (**P. Haffray**, SYSAAF)
  - Biogerm (coordination INRA), production de néomâles par transplantation de cellules germinales dans des triploïdes de truite et amélioration des méthodes de congélation de sperme (J-J Lareyre, INRA)
  - Omega-truite (coordination SYSAAF), vers une sélection pour augmenter la teneur en acides gras polyinsaturés chez la truite (**P. Haffray**, SYSAAF)
  - 3S (coordination Ifremer), effets de facteurs environnementaux d'élevage pour féminiser le bar (M. Vandeputte, INRA)
  - SiberSex (coordination INRA), séquençage du génome et identification de marqueurs du sexe chez l'esturgeon sibérien (Y. Guiguen, INRA)
  - RésiPal (coordination Université de Brest), amélioration de la résistance à *Vibrio tapestris* chez la palourde par un challenge précoce (**F. Enez**, SYSAAF)
  - Développement de la congélation de spermes en aquaculture par IMV-Technologies et nouveaux dilueurs (Richard Le Boucher, IMV)

16h00 : Fin de réunion



## Annexe 14 : Glossaire

AGENAE : Analyse du GENome des Animaux d'Elevage  
AGENAVI. : Analyse du GENome des Animaux d'Elevage – Filières Avicoles  
AMM : Autorisation de Mise sur le Marché,  
Anses : Agence Nationale de Sécurité Sanitaire de l'Alimentation, de l'Environnement et du Travail  
ANR : Agence Nationale de la Recherche  
APA : Accès aux Ressources Génétiques et Partage des Avantages  
BAZDA : Bureau des Aides aux Zones Défavorisées et à l'Agro-Environnement  
BLSA : Bureau du Lait, des produits laitiers et de la Sélection Animale  
BLUP : Best Linear Unbiased Prediction  
BTS : Brevet de Technicien Supérieur  
BTSF : Better Training for Safer Food Initiative  
CA : Conseil d'Administration  
CASDAR : Compte d'Affectation Spéciale de Développement Agricole et Rural  
CCHS : Comité Central Hygiène et Sécurité  
CIFOG : Comité Interprofessionnel du Foie-Gras  
CIFRE : Convention Industrielle de Formation par la Recherche  
CIP : Comité Interprofessionnel de la Pintade  
CIPA : Comité Interprofessionnel des Produits de l'Aquaculture  
CIR : Crédit Impôt Recherche  
CITES : Convention on International Trade in Endangered Species  
CNAG : Commission Nationale d'Amélioration Génétique  
CNC : Comité National de la Conchyliculture  
CNPO : Comité National pour la Promotion de l'Oeuf  
CNRS : Centre National de Recherche Scientifique  
COS : Comité d'Orientations Stratégiques  
COT : Comité d'Orientations Thématiques  
CS : Conseil Scientifique  
CREAVIA : Union des Coopératives URCEO et GENOE  
CTIG : Centre de Traitement de l'Information Génétique  
DCN : Document de cadrage national  
DDCSPP : Direction Départementale de la Cohésion Sociale et de la Protection des Populations  
DGAL : Direction Générale de l'Alimentation  
DGER : Direction Générale de l'Enseignement et de la Recherche  
DGPAAT : Direction Générale des Politiques Agricole, Agroalimentaire et des Territoires  
DO : Directoire Opérationnel  
DOM : Département d'Outre-Mer  
DGPE : Direction Générale de la Performance Économique et Environnementale des Entreprises  
DPMA : Direction des Pêches Maritimes et de l'Aquaculture  
DPE : Direction de la Production et des Echanges  
EFFAB : European Forum for Farm Animal Breeding  
EFSA : European Food Safety Authority  
ENITA : Ecole Nationale d'Ingénieur des Techniques Agricoles  
ENSAR : Ecole Nationale Supérieure d'Agronomie de Rennes  
ESITPA : Ecole Supérieure d'Ingénieur des Techniques et Pratiques Agricoles  
FEP : Fonds Européens de la Pêche  
FRB : Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité  
GIE : Groupement d'Intérêts Economiques





GIS : Groupement d'Intérêts Scientifiques  
IFREMER : Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer  
IA : Insémination Artificielle  
IDELE : Institut de l'Élevage  
IFIP : Institut du Porc  
IMPCF : Institut Méditerranéen du Patrimoine Cynégétique et Faunistique  
INRA : Institut National de la Recherche Agronomique  
IRSTEA : Institut de la Recherche en Sciences et Technologies pour l'Environnement et l'Agriculture  
ITAB : Institut Technique de l'Agriculture Biologique  
ITAVI : Institut Technique de l'Aviculture  
INAO : Institut National de l'Origine et de la Qualité (ex. Institut National des Appellations d'Origine)  
LPGP : Laboratoire de Physiologie et Génomique des Poissons  
MAAF : Ministère de l'Agriculture, de l'Alimentation et de de la Forêt.  
MAE : Mesure Agro-Environnementale  
MEDDE : Ministère de l'Écologie, du Développement Durable et de l'Énergie  
MENRT : Ministère de l'Enseignement National, de la Recherche et de la Technologie  
OC : Organismes Certificateurs  
ONCFS : Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage  
OPPI : Outil de Pilotage de la Prévention à l'INRA  
PAC : Politique Agricole Commune  
PEAT : Pôle Expérimental Avicole de Tours (Unité Expérimentale INRA)  
PME : Petite et Moyenne Entreprise  
PNDAR : Programme National de Développement Agricole et Rural  
POM : Pays d'Outre-Mer  
PRC : Physiologie de la Reproduction et du Comportement (Unité de Recherche INRA)  
PRM : Programme pour les Races Menacées  
QTL : Quantitative Trait Loci  
RFID : Radio-Frequency Identification  
SANCO (DG SANCO) : DG Health and Food Safety (Direction Générale de la Santé et des Consommateurs de la Commission européenne)  
SENC : Syndicat des Eclosoeurs Nurseurs de Coquillages  
SFAM : Syndicat Français de l'Aquaculture Marine et Nouvelle  
SME : Small and Medium Entreprise  
SNA : Syndicat National des Accoueurs  
SNAA : Syndicat National des Aviculteurs Agréés  
SYNALAF : Syndicat National des Labels Avicoles de France  
SYSAAF : Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français  
SYSAF : Syndicat des Sélectionneurs Avicoles Français  
TOM : Territoire d'Outre-mer  
TPE : Très Petite Entreprise  
URA : Unité de Recherches Avicoles  
UMR : Unité Mixte de Recherche  
WPC : World Poultry Conference  
WPSA : World Poultry Science Association



