



Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français




RAPPORT ANNUEL D'ACTIVITÉ 2020



INTRODUCTION	6
I - CONTEXTE NATIONAL DANS LEQUEL S'INSCRIT L'ACTION DU SYSAAF	7
II - ORGANISATION FONCTIONNELLE DU SYSAAF	14
2-1 Gouvernance	14
2-2 Assemblée Générale Annuelle	16
2-3 Ressources humaines	17
2-3-1 Des effectifs croissants et des compétences renouvelées :	17
2-3-2 Une organisation fonctionnelle en évolution avec une répartition sur plusieurs sites	19
2-3-3 Une démarche managériale :	20
2-3-4 Une démarche qualité	22
2-3-5 Une formation professionnelle pour les salariés du SYSAAF	23
2-3-6 Une gestion des risques professionnels	24
2-4 Ressources financières	24
2-4-1 Budget annuel 2020	24
2-4-2 Trésorerie	26
2-4-3 Tarifs des prestations aux adhérents en 2020	26
2-5 Adhérents	27
2-6 Espèces	34
III - MISSIONS ET ACTIVITES DE R&D DU SYSAAF.....	37
3-1 Appui technique à la sécurisation de la diversité génétique et à la sélection génétique	40
3-1-1 Sélection génétique	40
3-1-2 Appui à la Sauvegarde des races locales de volailles	42
3-1-3 Cryopréservation de ressources biologiques avicoles et aquacoles	42
3-2 Recherche de nouvelles méthodes de phénotypage bas et haut-débit et/ou optimisation pour quantifier des caractères d'intérêt	45
3-2-1 Objectifs du projet.....	45
3-2-2 Etat de l'art, aléas, incertitudes scientifiques, verrous technologiques, démarche expérimentale, travaux de recherche réalisés	46
3-2-2-13 Phénotypage de caractères d'intérêt chez la mouche soldat noire.	64
3-2-3 Références citées.....	65
3-2-4 Acquisition de connaissances	66
3-3 Développement de ressources génomiques et création et/ou optimisation d'outils de génotypage	68
3-3-1 Objectifs du projet	68
3-3-2 Etat de l'art	69
3-3-3 Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques	70
3-3-4 Travaux de recherche réalisés, démarche expérimentale	71
3-3-5 Références bibliographiques citées pour l'axe 2A	81
3-3-6 Acquisition des connaissances	82
3-4 Utilisation d'outils de génotypage haut débit spécifiques pour la sélectionner de populations avicoles et aquacoles	83
3-4-1 Objectifs du projet.....	83
3-4-2 Etat de l'art	83
3-4-3 Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques	85
3-4-4 Travaux de recherche réalisés, démarche expérimentale	87
3-4-5 Références bibliographiques citées pour l'axe 2B	97
3-4-6 Acquisition des connaissances	99
3-5 Recherche pour l'optimisation des outils informatiques et des méthodes statistiques	100
3-5-1 Objectifs du projet.....	100
3-5-2 Etat de l'art, Aléas, Incertitudes scientifiques & Verrous technologiques.....	100
3-5-3 Travaux de recherche, Démarche expérimentale & Résultats acquis	100

3-5-4 Acquisition de connaissances	105
IV - AUTRES MISSIONS ET SERVICES DU SYSAAF.....	106
4-1 Référentiel et Audits	106
4-2 Prestations et/ou Services adhérents et externes	107
4-3 Service analyse de ploïdie chez les espèces aquacoles	107
4-4 Service d'appui à la réalisation de génotypage et séquençage	107
4-5 Service de formation professionnelle et enseignements dispensés	107
4-6 Communication	108
V - PARTENARIATS DU SYSAAF	109
5-1 Les partenariats institutionnels	109
5-2 Les partenariats avec les organismes de Recherche et de Développement	109
5-3 Les partenariats avec les partenaires du secteur privé	111
VI - QUELQUES PERSPECTIVES POUR 2021 PAR M.SOURDIOUX.....	112
ANNEXE 1 : LISTE DES ADHERENTS AQUACOLES DU SYSAAF AU 1^{ER} JANVIER 2020	115
1 - Adhérents piscicoles du SYSAAF	115
2 - Adhérents repeuplement et restauration écologique aquacoles du SYSAAF	116
3 - Adhérents conchylicoles du SYSAAF	117
4 - Adhérents crevetticoles du SYSAAF	117
5 - Membres associés du SYSAAF	118
ANNEXE 2 : ADHERENTS AVICOLES DU SYSAAF AU 1^{ER} JANVIER 2020	119
ANNEXE 3 : ADHERENTS ENTOMOCOLES DU SYSAAF AU 1^{ER} JANVIER 2020	122
ANNEXE 4 : LISTE DES PROGRAMMES EXPERIMENTAUX DE RECHERCHE ET DEVELOPPEMENT IMPLIQUANT LE SYSAAF EN 2020.....	123
Programmes de recherche et développement terminés en 2020	123
Programmes de recherche et développement en cours en 2020	131
Nouveaux programmes de recherche et développement soumis et accepté pour un financement en 2020	154
ANNEXE 5 : LISTE DES PUBLICATIONS-COMMUNICATIONS DES AGENTS DU SYSAAF EN 2019	163
1 - Articles primaires publiés dans périodiques à comité de lecture ou ouvrages	163
2 - Synthèses publiés dans périodiques à comité de lecture	164
3 - Articles publiés dans périodiques sans comité de lecture	164
4 - Communications courtes dans congrès et symposiums internationaux	164
5 - Communications courtes dans des congrès scientifiques et symposiums nationaux	164
6 - Communications dans des réunions techniques ou scientifiques à public restreint	164
7 - Rapports d'activité, Propositions et Compte-rendu de programmes de recherche	166
8 - Documents diplômants (Agents et Stagiaires encadrés)	166
9 - Documents internes et Rapports	166
ANNEXE 6 : FORMATIONS SUIVIES PAR LES AGENTS DU SYSAAF EN 2020 (LISTE NON- EXHAUSTIVE)	168
1- Formations externes suivies par les agents du SYSAAF en 2020	168
2 - Formations d'agents du SYSAAF dans le cadre de participations à des congrès et journées techniques en 2020	168
3 -Formations organisées en interne suivies par les agents du SYSAAF en 2019	168
ANNEXE 7 : FORMATIONS ET ENSEIGNEMENTS ORGANISES ET/OU ASSURES PAR LES AGENTS DU SYSAAF EN 2020	169

ANNEXE 8 - THESE EN COURS DE REALISATION PAR DES DOCTORANTS SALARIES DU SYSAAF EN 2020	170
Thèse de Jonathan D'Ambrosio (2017-2020 ; Financement CIFRE [ANRT])	170
Thèse de Ronan Griot (2018-2021 ; Financement CIFRE [ANRT])	170
Thèse de Marion Charrier (2018-2021 ; Financement CIFRE [ANRT])	171
Thèse d'Antoine Jourdan (2019-2022 ; Financement CIFRE [ANRT])	171
ANNEXE 9 : ANALYSE DE PLOÏDIE PAR CYTOMETRIE DE FLUX	173
ANNEXE 10 : FORTIOR GENETICS, UNE PLATE-FORME POUR AMELIORER LA RESISTANCE DES POISSONS D'ELEVAGE AUX MALADIES PAR SELECTION GENETIQUE.....	174
ANNEXE 11 : SPECGEN : LA PLATEFORME DE SPECTOMETRIE SYSAAF CNRS ET UNIVERSITE DE RENNES-1	175
ANNEXE 12 : LISTE ET NATURE DES IMPLICATIONS D'AGENTS OU ADHERENTS DU SYSAAF PRESENTS DANS LES INSTANCES DECISIONNELLES DE STRUCTURES PARTENAIRES EN 2020	176
ANNEXE 13 : LISTE ACTUALISEE DES ESPECES FAISANT L'OBJET D'UNE DELEGATION PAR L'ITAVI AU PROFIT DU SYSAAF POUR LES ACTIONS D'AMELIORATION ET DE GESTION DES RESSOURCES ZOOGENETIQUES, APRES VALIDATION DE LA DEMANDE D'EXTENSION LORS DE LA REUNION DE LA CNAG DU 23 OCTOBRE 2018.	177
ANNEXE 14 : GLOSSAIRE.....	179



Ce rapport présente les différentes activités du SYSAAF et les faits marquants de l'année 2020. Il s'adresse en premier lieu aux adhérents du SYSAAF. Il constitue également un justificatif pour les engagements pris dans le cadre de la convention relative à la réalisation de l'action élémentaire 3 "Gestion optimisée du Patrimoine Zoogénétiques d'Espèces Avicoles et Aquacoles" du Programme CASDAR 775 établi entre FranceAgriMer et le SYSAAF.

Les nombreux programmes de recherche et développement présentés bénéficient généralement d'autres sources de financements publics dans le cadre d'appels à projets. Dans ce cas, ceux-ci n'entrent pas dans le champ de l'enveloppe du Programme CASDAR 775. Néanmoins, les résultats acquis contribuant notablement à la réalisation de la mission du SYSAAF dans le cadre de l'action élémentaire 3, les frais de personnel liés à la réflexion et concertation préalable, au montage et à la soumission des projets, puis au transfert des résultats peuvent l'être. Dans ce contexte, quelles qu'en soient les sources de financement, les thématiques et objectifs de ces programmes de recherche et développement, ainsi que les principaux résultats déjà acquis, sont présentés dans ce rapport.


Chaque programme en cours fait également l'objet d'une fiche de synthèse présentée en annexe 4.

Ce rapport inclut également plusieurs autres annexes (Annexes 1 à 14), comme une liste actualisée des adhérents du SYSAAF (Annexes 1 à 3) et une liste des publications-communications réalisées en 2020 (Annexe 5). Il constitue le document de référence pour les aspects techniques du procès-verbal de l'AG et apporte un éclairage sur les perspectives d'évolutions à venir, tant organisationnelles que fonctionnelles.

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 ou de gestion génétique de populations, lignées ou races d'espèces avicoles, aquacoles et depuis peu entomocoles. A l'instar des instituts techniques IDELE et IFIP pour les espèces de mammifères domestiques, le SYSAAF est en charge d'une action élémentaire du programme CASDAR-775 qui s'inscrit dans le Programme Génétique Animale, du Programme National de Développement Agricole et Rural [PNDAR : 2014-2020, prolongé jusqu'en 2021] ; en l'occurrence l'action élémentaire 3 intitulé "Gestion du patrimoine zoogénétique et de la biodiversité d'espèces avicoles et aquacoles". Ce programme de gestion des ressources génétiques concerne les populations *in situ* (gestion des cheptels en races ou lignées pures) et *ex situ* (cryopréservation). Pour exercer cette mission spécifique, le SYSAAF bénéficie d'une délégation de la part de l'ITAVI (Institut Technique de l'Aviculture), dont l'autorisation a été renouvelée en 2017 par le Ministère en Charge de l'Agriculture pour une période de 5 ans (2018-2022), après avis favorable de la Commission Nationale d'Amélioration Génétique (CNAG).

Plus largement, le SYSAAF, par une approche collective, originale et unique au monde, en mutualisant des compétences, des méthodes et des outils, a apporté en 2020 un appui technique à 36 adhérents, majoritairement des PME et TPE, qui mettent en œuvre des programmes de gestion ou d'amélioration génétique rigoureux et optimisés à des fins commerciales ou de maintien de la biodiversité, et s'appliquant à plus d'une 100^{aine} de populations, lignées ou races pures, d'une 30^{aine} d'espèces différentes (avicoles (9), aquacoles (16) et entomocole (1)). Cette diversité génétique, en termes d'espèces et de populations, répond aux demandes de multiples marchés (niches, locaux, nationaux et exports pour des produits conventionnels ou festifs sous signes de qualité [IGP, Label Rouge, AOC, Productions biologiques]). Elle correspond de ce fait à des productions commercialisables variées (œufs de consommation ou à incuber (OAC), naissains, alevins, poussins, volailles de chairs, poissons portions, gibiers, coquillages, produits de découpe, produits transformés (fumés, salés, plats préparés), productions emblématiques comme le foie-gras, les huîtres et le caviar (d'esturgeon ou truite), ou enfin des productions de matières premières pour l'alimentation animale. Ces productions génèrent directement ou indirectement une activité économique conséquente représentant souvent l'intégralité du marché français et des volumes significatifs à l'export. Les filières avicoles et aquacoles occupent une place importante dans la balance commerciale de la génétique française, avec plus de 180 millions d'euros de solde excédentaire pour les productions avicoles par exemple en 2019. 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. Au-delà des filières avicoles et aquacoles, le SYSAAF s'engage, avec l'arrivée d'entreprises de production d'insectes, dans le soutien génétique d'une filière émergente d'avenir, dont les potentiels pourraient renouveler les visions de l'alimentation animale et de la durabilité des systèmes agricoles.

Enfin, 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 développement et d'innovation dans les domaines de la reproduction et de la génétique, contribuant à la mise en œuvre de technologies et méthodes innovantes et diversifiées dont les impacts sur les activités des entreprises et associations adhérentes sont primordiaux.

Les activités du SYSAAF répondent ainsi à 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 l'appui à la mise en place de dispositifs et schémas de sélection adaptés, afin d'assurer une bonne gestion de la diversité génétique et de permettre l'évaluation génétique des reproducteurs candidats à la sélection, puis leur choix et l'établissement de plans d'accouplement spécifiques.

2 - Améliorer les méthodes de sélection, de diffusion et de sécurisation du patrimoine génétique chez les espèces aquacoles, avicoles, ou entomocoles en :

- réalisant des travaux de recherche et développement finalisés, en partenariat, avec des organismes de recherches compétents, dont l'INRAE, l'Ifremer, l'Anses, le CNRS, de partenaires privés de la R&D et les adhérents du SYSAAF,

- développant un savoir-faire technique et méthodologique,

- transférant ces savoir-faire et les innovations issues de la recherche auprès des entreprises adhérentes et inversement en sollicitant nos partenaires de la recherche sur des 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 génétiques, le séquençage, le géotypage et l'assignation de parenté par empreintes génétiques, le stockage d'échantillons biologiques, la réalisation de challenges pathologiques maîtrisés en milieux confinés (Fortior-Genetics) ou de mesures physicochimiques mettant en œuvre des méthodes spectrométriques (SpecGen). Des salariés du SYSAAF sont actuellement mis à disposition auprès de certaines plateformes externalisées pour prendre en charge les activités dédiées aux adhérents du SYSAAF (Fortior-Genetics, SpecGen).

4 - Représenter auprès de nos interlocuteurs institutionnels et professionnels les intérêts de ses adhérents et du SYSAAF.

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

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

Le syndicat professionnel, 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 de multiplicateurs et accouveurs de la filière avicole. Le SNAA, dont l'objet était de contribuer à la structuration de la filière avicole, a rapidement fédéré plus d'une 100^{aine} d'acteurs. Une archive de 1961 identifie 102 entreprises agréées, dont 14 au titre de sélectionneur-multiplicateur mettant en œuvre des programmes de sélection généalogique et 4 en sélection massale, les autres étant agréées comme



multiplicateurs et/ou accouveurs. La mise en œuvre des concepts et méthodes de sélection génétique a conduit certains acteurs à spécialiser leur activité ; dès lors le SNAA, que l'on pouvait aisément confondre avec le SNA (Syndicat National des Accouveurs), devint le SYSAF (Syndicat des Sélectionneurs Avicoles Français) en 1979, puis le SYSAAF (Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français) en 1991 (Stevens, 1996), avec la prise en charge de sélectionneurs du secteur aquacole à l'initiative conjointe de l'INRAE 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 crevettecoles, ainsi que des acteurs de la restauration écologique et du repeuplement. Depuis 2019, le SYSAAF compte également parmi ses adhérents, des représentants du secteur entomocole, prémisse d'une nouvelle page de la longue histoire du SYSAAF.

Aujourd'hui, le SYSAAF apporte un appui technique à près de 40 de structures, dont 36 adhérents en 2020, mettant en œuvre des programmes de sélection et gestion génétique des filières avicoles, aquacoles et entomocoles. Cette activité s'inscrit dans le contexte de la loi sur les animaux d'élevage de 2006 et est exercée pour partie dans le cadre d'une délégation de responsabilités qui nous est accordée par l'Institut Technique de l'Aviculture (ITAVI), après autorisation 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). Cette délégation d'activité a été prorogée pour une période de 5 ans à compter du 1^{er} janvier 2018 (2018-2022), sur avis favorable de la CNAG du 23 Mai 2017. 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 2014-2020, prolongé en 2021". 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 (Programme CASDAR-775). Les activités du SYSAAF dépasse cependant largement les limites de ce cadre, pour des espèces non soutenues par ce dispositif ou pour des actions de recherches (figure 1).

"L'implication dans la Commission Thématique Inter-filières "Ressources Zoogénétiques"

En 2020, la Commission Thématique Inter-filières "Ressources Zoogénétiques" (créée par Arrêté du 12 Aout 2020), placée sous la responsabilité de FranceAgriMer, a remplacé les CNAG (dissolution des CNAG(s) par Décret du 18 décembre 2019 (no 2019-1379)). Cette Commission est chargée d'apporter un éclairage en génétique animale aux pouvoirs publics et aux filières sur toute question relative à la gestion des ressources zoogénétiques, et elle assure un suivi économique des filières génétiques animales et de leur compétitivité.

Le SNA, le CIPA, le CIFOG, le SYSAAF y sont représentés. Il est toutefois à déplorer que n'y sont pas actuellement représentés les interprofessions CNPO (Filières pondeuses), et InterproChasse (Gibiers avicoles (Faisans (2 espèces), perdrix grises et rouges), ainsi que d'autres filières concernant les espèces caille, pigeon, crevettes (4 espèces), autant d'espèces-filières entrant dans le champ de la délégation accordée au SYSAAF et représentant de fait plus de 50% de son activité d'appui technique. Les insectes, pour l'instant, ne font pas non plus l'objet de soutien génétique dans ce cadre, hormis les abeilles via l'Institut dédié, l'ITSAP.

Deux réunions de la CTI-RZ ce sont tenues en 2020, les 24-09 et 12-11. Un groupe de travail sur l'économie des filières génétiques, auquel participe Pierrick Haffray et Michel Sourdioux pour les filières génétiques aquacoles et avicoles, s'est constitué, et devrait rendre une première synthèse pour le Ministère pour le 17 juin 2021. Il est à espérer, par cette remise en perspective, que le Ministère renforcera son soutien au maillon

génétique animale de l'agriculture française et qu'ainsi la délégation du SYSAAF pourra par suite être étendue.

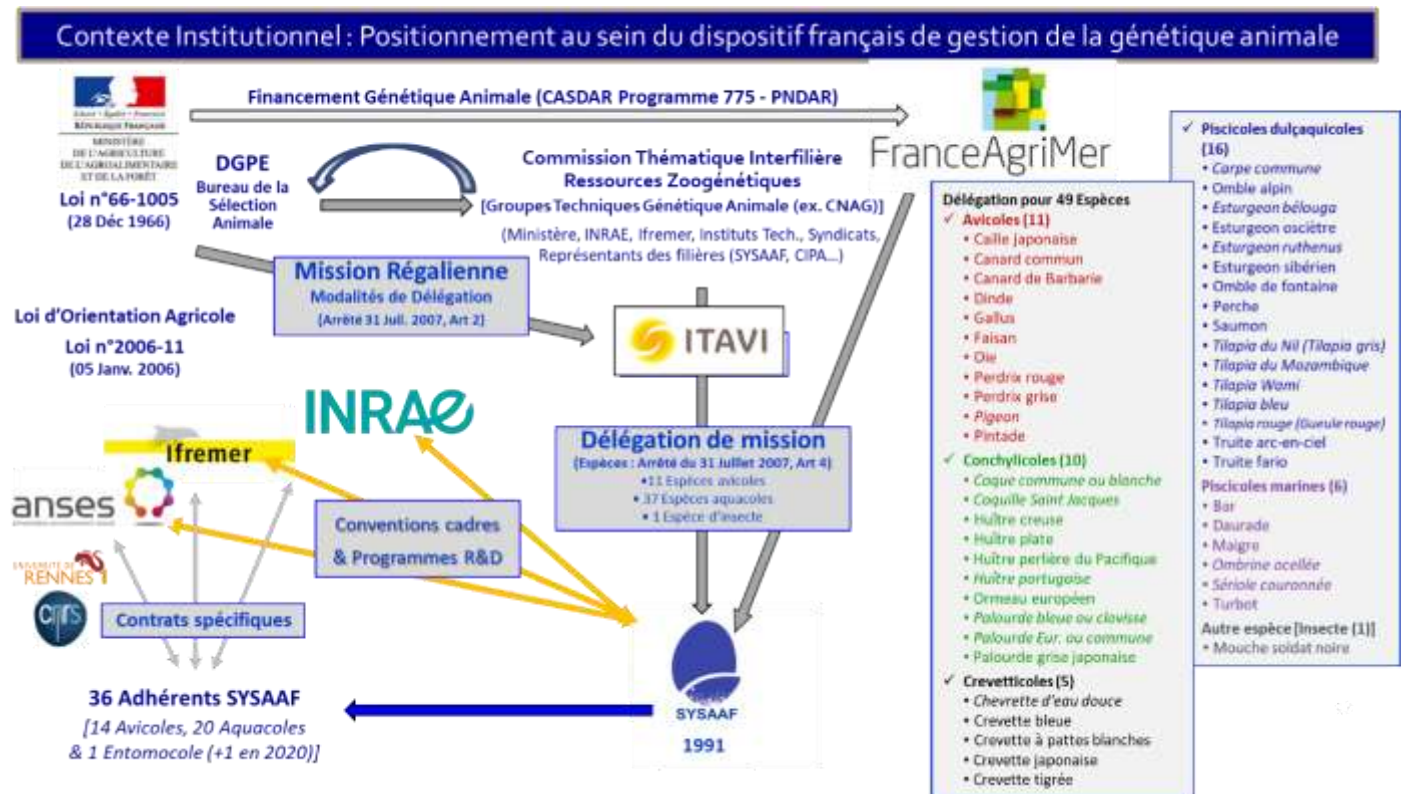


Figure 1 : Organisation du dispositif français d'amélioration génétique des espèces avicoles et aquacoles à compter du 1er Janvier 2020 (Substitution des CNAG par une Commission Thématique Interfilière Ressources Zoogénétiques et des Groupes Techniques Génétique Animale)

« La délégation de mission »

La délégation concerne une liste spécifique d'opérations (Tableau 1) correspondant aux finalités en matière d'amélioration et de gestion des ressources zoogénétiques se rattachant à l'action élémentaire 3. Les ressources zoogénétiques concernées par cette délégation font l'objet d'une liste positive de 49 espèces (Annexe 13) mais, seules les 11 espèces avicoles et 22 piscicoles s'inscrivent dans le cadre du programme CASDAR 775. Ces 33 ou 49 espèces, peu importe, ne font pas toutes aujourd'hui l'objet de programmes de sélection généalogique, mais cette démarche d'identification des espèces dans le cadre de la délégation permet de porter à la connaissance du Ministère en charges de l'Agriculture, les espèces pour lesquelles des populations font l'objet de programmes de domestication ou de gestion et sont susceptibles de faire l'objet de programme de sélection à plus ou moins long terme. Cette démarche a par ailleurs 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 les lesquelles le SYSAAF apporte actuellement un appui technique ne figure sur les listes officielles d'espèces domestiques. En conséquence, celles-ci pouvaient *de facto* être considérées comme sauvages. Cette problématique a fait l'objet de nombreux échanges entre le SYSAAF, la DGPE (MAA) et la DPMA (MEDDE, puis MAA) et *a minima* la notion de populations domestiques d'espèces sauvages devraient être retenue pour l'ensemble des espèces figurant sur cette liste.

Tableau 1 : Liste des opérations en matière d'amélioration et de gestion des ressources zoogénétiques faisant l'objet de la délégation par l'ITAVI au profit 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^{er} niveau) aux entreprises de sélection.
- Validation (2ème 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.

Les productions avicoles et aquacoles. Elles 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 et un contexte de changement climatique. Les activités du SYSAAF s'adressent aux acteurs situés en amont des maillons de multiplication et de production de ces produits commerciaux ; acteurs dont les sélectionneurs tiennent compte des besoins pour définir des objectifs de sélection adaptés en fonction des marchés visés pour chacune des filières, dont les caractéristiques sont synthétisées ci-après.

▪ **Les filières avicoles en France**

Les productions avicoles françaises recouvrent de nombreuses spécificités, avec une diversité des espèces et génétiques 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 directement aux consommateurs, les acteurs amont des filières avicoles produisent des œufs à couvrir (OAC) et des poussins d'un jour, dont les exportations contribuent de façon importante à l'excédent de la balance des échanges commerciaux de la génétique animale terrestre en France (180 millions d'€ en 2019).

De fait, toutes espèces avicoles confondues, la production française d'œufs à couvrir 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 ¾ 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 avicoles généraient environ 34 000 ETP directs et 65.000 indirects, soit 99.000 ETP, représentant plus de 15% des emplois liés à l'élevage en France, d'après une étude du GIS Elevage Demain publiée en 2017 (Citée dans Volailles Françaises, 2017).

La filière génétique sélection-multiplication représentait 65 entreprises, 116 couvoirs, 4500 emplois directs (2019). L'activité d'accoupage a généré 895 millions d'euros de chiffre d'affaires dont 232 millions à l'exportation (dont 95% pour la partie sélection, soit environ 220 millions d'euros) (État des lieux et perspectives du secteur sélection-accoupage en France, ITAVI-SNA, Juin 2020)

▪ **Les filières aquacoles en France**

La filière aquacole française regroupe les différents élevages de produits aquatiques animaux vertébrés et invertébrés et végétaux. Elle se caractérise elle aussi par une très grande diversité d'espèces avec : 5 espèces de mollusques marin en métropole (huître creuse, huître plate, moule méditerranéenne, moule commune, palourde japonaise) et en Polynésie Française pour la production de perles l'huître perlière, 7 espèces de poissons en métropole (truite arc-en-ciel, ombles alpins et de fontaine, truite commune, saumon Atlantique, bar, daurade, turbot, maigre, perche, esturgeons sibériens et russes, carpe commune) et dans les DOM-TOM (tilapia du Nil, Tilapia hybride rouge, ombrine ocellée), 2 espèces de crevettes impériale ou japonaise (en métropole) et bleu en Polynésie Française et en Nouvelle Calédonie.

A ces espèces majeures, il importe d'ajouter les espèces produites à des fins de restauration écologique ou pour le soutien de population péchées (saumon atlantique, coquille st Jacques, pétoncle noir), en cours d'essai de domestication (platax en Polynésie, arénicole pour la production d'hémoglobine) et auxiliaires obligatoires des élevages larvaires de poissons marin (artémia et rotifères) ou de coquillages (micro-algues).



En volume, les coquillages représentent 78% (144 000 T) de la production aquacole française 185 000 T¹). La France réalise de l'ordre de 46 % du chiffre d'affaires Européen grâce à la production d'huître, essentiellement de l'espèce huître creuse, production qui remonte progressivement mais s'avère largement inférieure à celle enregistrée en 1996 (129 000 T) avant la crise virale du virus à herpes OHsV1.

En pisciculture, la France n'arrive qu'en 8^{ème} position au classement européen des producteurs de poissons avec de l'ordre de 46 272 T, largement dépassée par la Norvège avec presque 1,5 millions de T. La production piscicole française a cependant augmenté de l'ordre de 11 % entre 2014 (41 641 T) et 2019 (46 272 T) avec un début de rétablissement des productions de truite portion (26 000 T) et de grande truite destinée au fumage (14 500 T) à 40 500 T (contre 45 988 T en 2007²), un rétablissement de la production de daurade à 2 081 T (contre 1 732 T en 2007³) et une chute de la production de bar à 2 123 T (contre 4 608 T en 2007) et surtout de turbot à 65 T (contre 884 T en 2007). La production piscicole nationale se caractérise aussi par la production d'œufs destinés au caviar, estimée de l'ordre de 117 T en caviar de truite et à 40 T en caviar des 2 espèces esturgeons sibérien et russe.

Les producteurs français bénéficient d'un approvisionnement en œufs et en alevins de qualité avec respectivement des productions d'environ 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 soutenir la compétitivité de la production nationale et de diversifier certaines productions. 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'affaires de la filière piscicole nationale. Ces exportations représentent annuellement entre 30 et 40 millions d'euros d'excédents dans la balance des échanges commerciaux.

Dans les DOMTOM, les productions de poissons d'eau (tilapia, 120 T à La Réunion) sont limitées. Celles de poissons marin (ombrine dans les Caraïbes, Mayotte et la Réunion) et platax en Polynésie n'ont pas réussi à se confirmer et s'avèrent encore au stade embryonnaire. Seules les productions de crevette bleue (1800 T en Nouvelle Calédonie et 150 T en Polynésie) et d'huître perlière se sont développées pour l'export de produits à plus forte valeur ajoutée. La filière crevetticole, malgré une très bonne image à l'export sur le Japon d'un produit de qualité supérieure, peine à trouver sa rentabilité⁴. La filière perlière a produit en 2019 de l'ordre de 9 milliards de perles pour un chiffre d'affaire de 41 millions d'Euros. Malgré un marché du luxe en développement, elle a vu son chiffre d'affaire chuter de 75 % depuis 2000 du fait principalement d'une inadéquation entre l'offre et de la demande, le développement quantitatif ne s'étant pas accompagné de développement qualitatif⁵.

Le chiffre d'affaires cumulé des différentes filières aquacoles est estimé de l'ordre de 735 millions € à raison de 498 millions € (hors écloséries) pour la conchyliculture, 184 millions € pour la pisciculture et 41 millions € pour la filière perlicole polynésienne.

Les filières aquacoles représentent 3287 entreprises et emploient de l'ordre de 11 485 temps pleins, hors transformation, matériel et assistance technique.

Les dynamiques 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 de la sélection et multiplication. Dans un processus d'amélioration continue des méthodes et outils mis en œuvre, l'appui technique dédié et spécifique qu'apporte le SYSAAF contribue indéniablement à l'excellence du niveau technique des entreprises de sélection. Indirectement, le SYSAAF contribue ainsi à faire en sorte que


¹ FAO. 2020. The State of World Fisheries and Aquaculture 2020. Sustainability in action. Rome. <https://doi.org/10.4060/ca9229en>

² Source : Agreste – Recensements 1997 et 2007 de la salmoniculture ; http://agreste.agriculture.sg-ppd.maaf.ate.info/IMG/pdf_primeur227.pdf

³ http://agreste.agriculture.sg-ppd.maaf.ate.info/IMG/pdf_primeur233.pdf

⁴ https://www.ieom.fr/IMG/pdf/la_crevette_bleue_de_nouvelle-caledonie_vf.pdf

⁵ https://www.ieom.fr/IMG/pdf/et_309_la_perliculture_en_polynesie_francaise.pdf



les éleveurs français puissent continuer à bénéficier de possibilités d’approvisionnements adaptés en œufs à couvrir, poussins, alevins, larves ou naissains répondant à leurs besoins.

Les productions entomocoles. Ce domaine constitue un nouveau challenge dans le secteur des productions animales, tant au niveau national, qu’international. Les enjeux sont divers en fonction des types de filières, avec historiquement les productions apicoles (miel et gelée royale, sans oublier le rôle de pollinisateur des abeilles) confrontées aux problèmes de productivité et mortalité, la gestion et amélioration génétique des insectes auxiliaires pollinisateurs (bourdon) et protecteurs des cultures (chrysopes, trichogrammes, coccinelles, etc...) et plus récemment la domestication d’insectes destinés à la valorisation de sous-produits agricoles et agro-alimentaires en farines protéiques (*Hermetia*, Ténébrion). Les productions actuelles de ces insectes à vocation de production de farines se font principalement aujourd’hui à partir de sites pilotes, mais des projets de développement à grande échelle sont finalisés et les enjeux pour un accompagnement génétique du développement de ces productions sont donc particulièrement d’actualité.

Quel qu’en soit l’objet, ces filières en effet n’avaient pas jusqu’alors d’interlocuteur technique identifié et mobilisable en mesure de leur apporter un appui structuré à la domestication et/ou à la gestion et l’amélioration génétique des cheptels. Il pourrait en résulter une gestion génétique des cheptels de reproducteurs inadaptée avec pour conséquences une perte de diversité génétique, une moindre productivité et/ou capacité d’adaptation des animaux. Le SYSAAF développe donc depuis 2019 un appui technique spécialisé à une, puis deux, puis trois, entreprises initiant la sélection de la Mouche Soldat Noire (*Hermetia illucens* : InnovaFeed, Agronutris) ou le Ténébrion du meunier (*Tenebrio molitor* : Ynsect) ; cette dernière entreprise ayant sollicité son d’adhésion en fin d’année 2020. Et ce secteur est amené à se renforcer encore rapidement avec de nouveaux adhérents, et un déploiement progressif d’outils et méthodes adaptées à ces espèces.

II - Organisation fonctionnelle du SYSAAF

2-1 Gouvernance

Statutairement (statuts adoptés par l'AG le 10 juin 2010), 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 (Secteur avicole et aquacole), 1 trésorier, 1 secrétaire & trésorier-adjoint). La composition du bureau est révisable annuellement à l'issue du renouvellement partiel du conseil d'administration qui a lieu lors de l'AG. 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 à 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.

Une évolution des statuts pour s'adapter aux nouvelles orientations choisies par le SYSAAF s'avèrera cependant rapidement nécessaire.

Deux postes d'administrateurs étaient donc à pourvoir au cours de l'AG du 24 Septembre 2020 ; 1 pour le secteur avicole et 1 pour le secteur aquacole. A l'issue des élections :

La composition du nouveau conseil d'administration au 24 septembre 2020 est donc la suivante :

6 Représentants du secteur aquacole : Ms. Franck Brossard (France Turbot - Groupe Gloria Marris), Jean-Sébastien Bruant (Ferme Marine du Douhet - Groupe Aqualande), Frédéric Cachelou (Vivers de Sarrance), Emmanuel Mazeiraud (Sources de l'Avance - Groupe Aqualande), Vincent Murgat (Pisciculture Murgat) et Bruno Peyrou (Ecloserie Marine de Gravelines - Groupe Gloria Marris),

7 Représentants du secteur avicole : Mmes Magali Blanchet (Grimaud Frères Sélection - Groupe Grimaud), Florence Petitjean (Centre de Sélection de Béchanne), Mailys Faure (ISA - Groupe Hendrix Genetics), ainsi que Ms. Bernard Alletru (Gourmaud Sélection - Groupe Orvia), Denis Bourasseau (Gen'Ethic - Groupe Gibovendée), Frédéric Fagnoul (Hubbard - Groupe Aviagen), T. Burlot (Novogen - Groupe Grimaud Frères).

La composition du bureau du CA du SYSAAF pour l'exercice 2020-2021 est alors la suivante :

- Président : M. Bernard Alletru (Gourmaud - Groupe Orvia - Secteur avicole)
- Vice-Présidente Secteur Avicole : Mme Magali Blanchet (Grimaud Frères Sélection).
- Vice-Président Secteur Aquacole : M. Vincent Murgat (Pisciculture Murgat - S. aquacole),
- Trésorier : M. Jean-Sébastien Bruant (F. M. Douhet - Groupe Aqualande - Secteur aquacole),
- Secrétaire & Trésorière adjointe : Mme Florence Petitjean (Centre de Sélection de Béchanne - Secteur avicole).



Gouvernance du SYSAAF : Composition du Conseil d'Administration... depuis l'AG du 24 Septembre 2020



Figure 2 : Membres et composition du bureau du Conseil d'Administration du SYSAAF (AG 2020).

La gouvernance du SNAA au SYSAAF, en passant par le SYSAF de 1979 à 1991

Présidents et directeurs du SYSAAF

Présidents

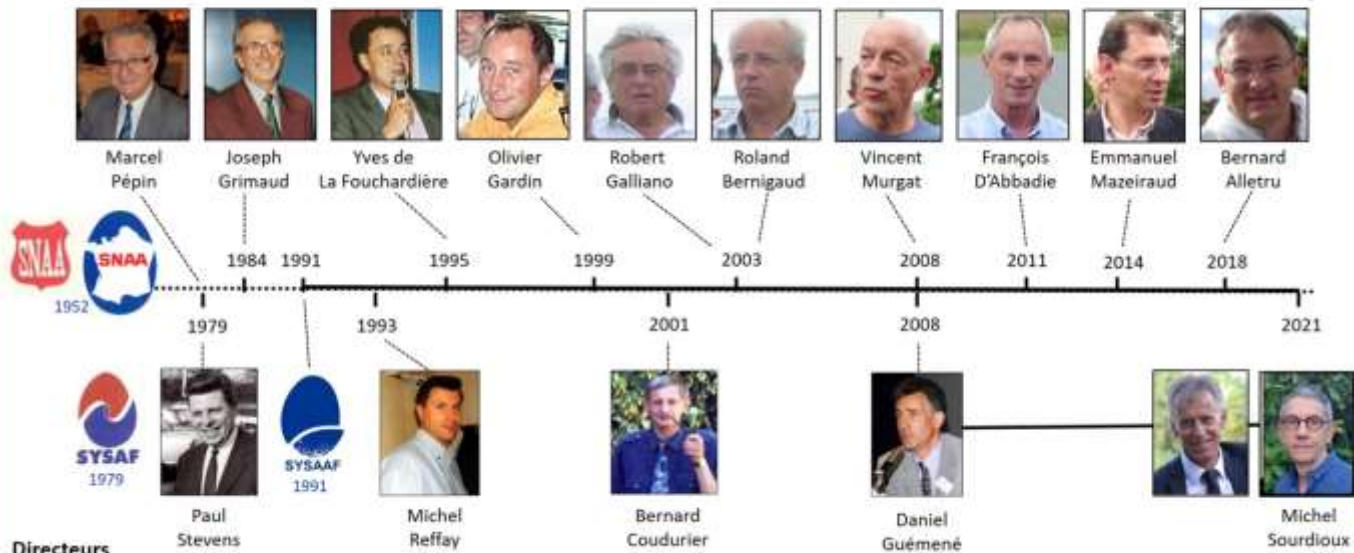


Figure 3 : Présidents et directeurs successifs du SNAA, SYSAF et SYSAAF.

Quatre conseils d'administration ont été organisés en 2020 (les 7 février, 13 mai, 24 septembre et 17 novembre) et les comptes-rendus sont disponibles, après validation, sur demande, pour les adhérents. Par ailleurs, des réunions du Bureau ou du Comité de Direction du SYSAAF ont également été organisées à chaque fois que nécessaire, mais ceux-ci n'ont pas vocation à donner systématiquement lieu à des CR.

2-2 Assemblée Générale Annuelle

L'Assemblée Générale annuelle est un moment de convivialité unique entre les adhérents des différentes filières, les salariés du SYSAAF, ainsi que plusieurs représentants de nos divers partenaires. En 2020, ce temps fort de la vie de notre structure a été organisé Au Puy-du-Fou aux Épesses (85) le jeudi 24 septembre. Ce lieu a été choisi suite à une proposition de Denis Bourasseau, PDG de GiboVendée, société située à quelques km qui travaille avec le pôle « rapaces » du parc d'attractions. Une journée technique organisée la veille, le 23 septembre, a permis à l'ensemble des invités de l'AG de visiter les coulisses du célèbre parc et d'échanger sur la gestion des rapaces et autres oiseaux.

23 adhérents étaient présents (12 adhérents aquacoles et 11 avicoles) à l'Assemblée Générale sur 36 adhérents qui, étant à jour de leur cotisation, pouvaient statutairement participer à l'AG.



Illustrations de la visite du Parc du Puy lors de l'AG 2020 du SYSAAF

Après ouverture de l'AG par M. B. Alletru en tant que Président, M. D. Guémené a présenté le rapport d'activité 2019, qu'il a illustré au travers des faits marquants de l'année, puis le rapport financier. Les rapports d'activité et financier, dont la présentation relève des aspects statutaires incontournables 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), commissaire aux comptes.

Au-delà de ces aspects statutaires, les salariés recrutés depuis l'AG précédente ont pu se présenter à l'auditoire, suivi d'une présentation des nouveaux services transversaux au SYSAAF : SpecGen, Multipass-SYSAAF et le Machine learning. Un dernier point a été également abordé concernant l'impact de la crise sanitaire liée à la Covid-19 sur les activités du SYSAAF et les relations avec les adhérents.

Le mot de la fin revenait naturellement à M. B. Alletru en tant que Président du SYSAAF qui a conclu en remerciant l'ensemble des acteurs, adhérents, partenaires, prestataires présents ou non à cette AG, qui sont impliqués dans le fonctionnement du SYSAAF et tout particulièrement les salariés, pour leur travail au quotidien.

2-3 Ressources humaines

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

L'organigramme a évolué au cours de l'année 2020 comme vous pouvez vous en rendre compte en regardant les illustrations ci-dessous (Figures 4a & 4b).

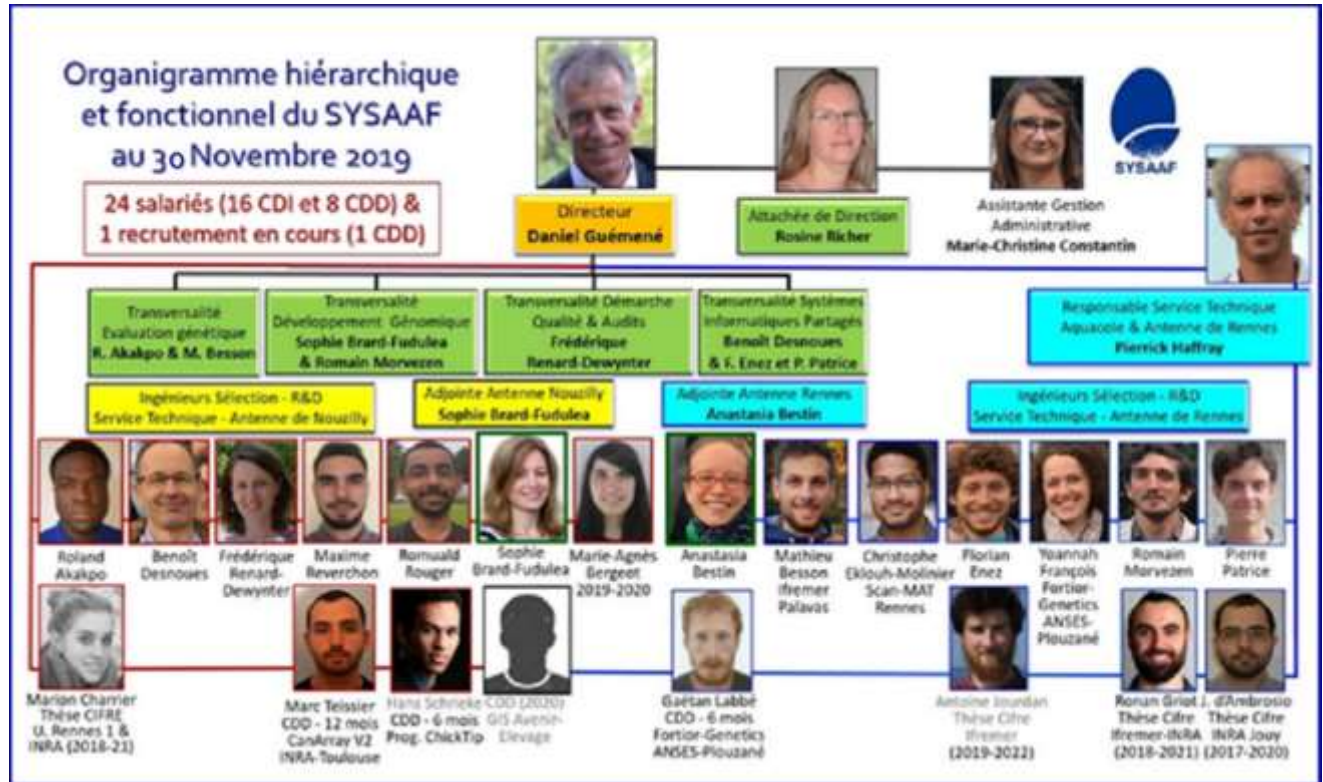


Figure 4a : Organigramme hiérarchique et fonctionnel du SYSAAF (30 Novembre 2019)

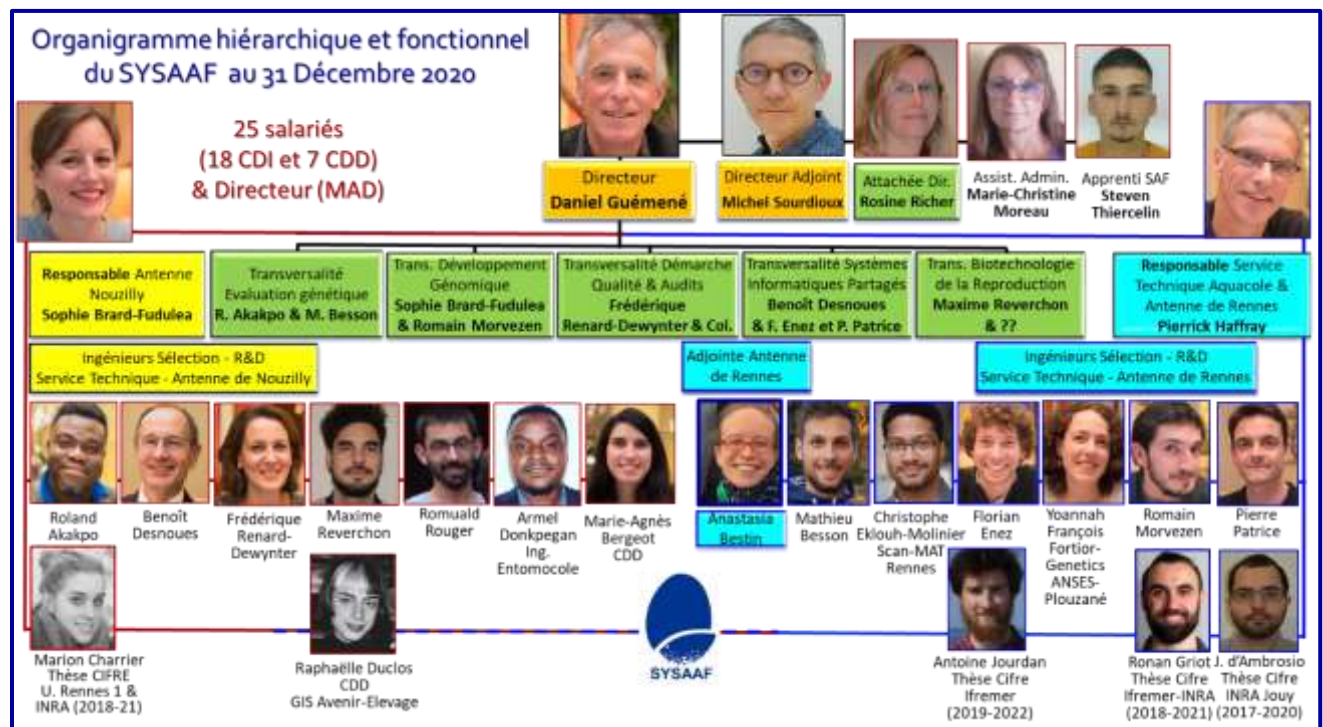


Figure 4b : Organigramme hiérarchique et fonctionnel du SYSAAF(31 décembre 2020)

En fin d'année 2019, l'effectif du SYSAAF était de 24 personnes avec 16 salariés en CDI et 8 en CDD, effectifs auxquels il faut adjoindre son directeur, mis à disposition par l'INRAE. Un an plus tard, ce sont 25 salariés, dont 18 en CDI et 7 en CDD, avec un nouveau directeur Michel Sourdioux.

Les ressources humaines du SYSAAF disponibles ont globalement représenté 21 ETP salariés CDI+MAD en 2020, qui ont, comme par le passé, été complétées par un recours à de la main d'œuvre occasionnelle pour la réalisation de prestations pour les adhérents ou les expérimentations (4,3 ETP) et de stagiaires en stage de fin d'étude ou en cours de cursus (0,90 ETP). Ce sont donc près de 25 ETP qui ont travaillé en synergie pour accompagner au quotidien les adhérents des filières avicoles, aquacoles et entomocoles dans leurs métiers. Par ailleurs, il faut prendre en compte les nombreux chercheurs, représentant globalement environ une 30^{aine} d'ETP, qui travaillent dans les organismes de recherche au bénéfice des adhérents du SYSAAF dans le cadre de programmes de recherche.

Evolution du nombre d'ETP au SYSAAF entre 2008 et 2020

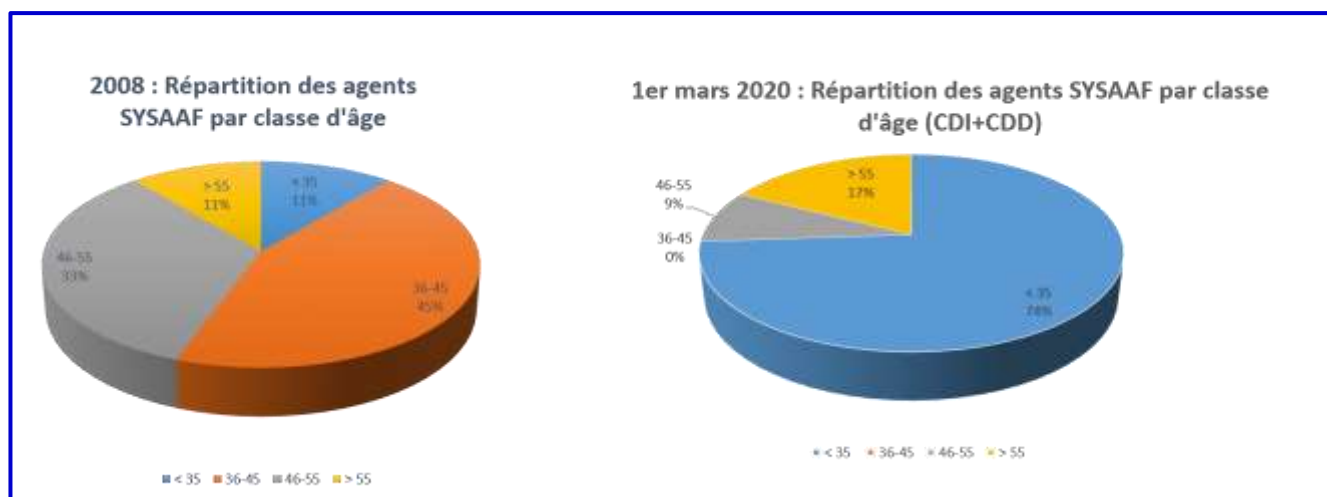
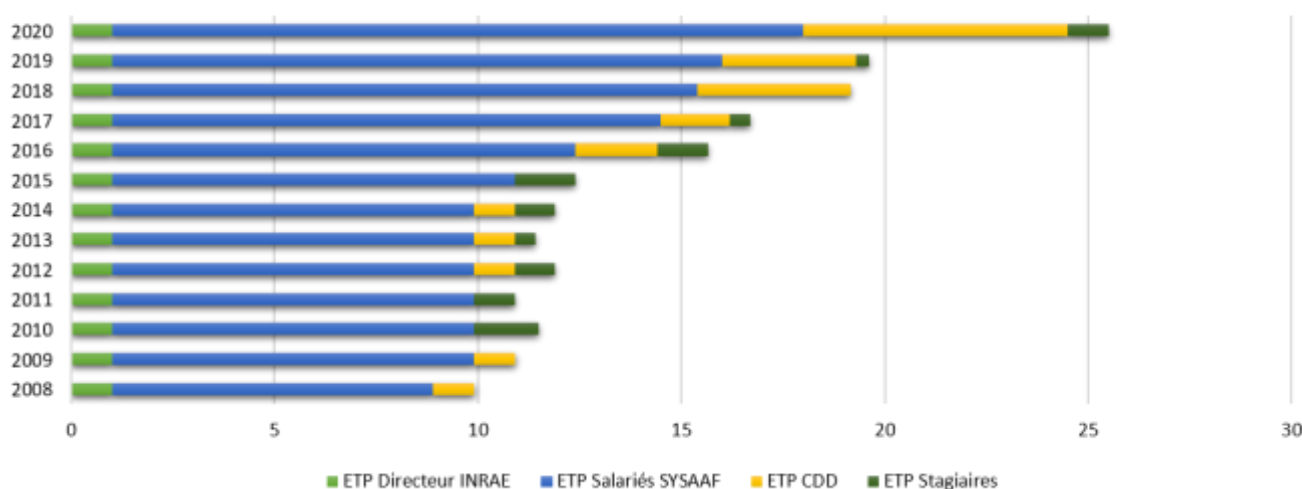



Figure 5 : Evolution du nombre d'ETP entre 2008 et 2020 et répartition des salariés par classe d'âge.

La dynamique de renouvellement des salariés et d'accroissement des effectifs en cours depuis plusieurs années a eu pour conséquence une forte évolution de la pyramide des âges avec un rajeunissement de la moyenne d'âge des salariés depuis 12 ans (45,5 en 2008 vs 35,5 en 2020 [CDI & CDD]). Le renouvellement du personnel consécutif au recrutement de nouveaux salariés ayant des parcours divers a aussi contribué positivement à élargir les compétences disponibles au SYSAAF. Cet élargissement s'est poursuivi en 2020, avec par exemple l'embauche en CDI de M. Armel Donkpegan en tant que chef de projets généticien



spécifique pour la section entomocole ainsi que de Mme Raphaëlle Duclos en tant que sociologue réalisant une étude sociétale sur les Nouvelles Technologies utilisées en génétique et bien sûr l'embauche de M. Michel Sourdioux comme nouveau directeur tout d'abord en tant que directeur adjoint à partir d'octobre 2020, puis prenant pleinement ses nouvelles fonctions au 1^{er} janvier 2021. Mme Marie-Agnès Bergeot a fini au 31 août 2020 son contrat d'apprentissage en Master Agrosociétés en Durabilité et Qualité dans les filières de productions animale à l'issue duquel elle a été embauchée pour un an en tant que généticienne.

De nouveaux recrutements en 2021 sont réalisés pour répondre à des besoins spécifiques (Machine Learning, GWAS et Génomique, etc...).

2-3-2 Une organisation fonctionnelle en évolution avec une répartition sur plusieurs sites

Les 25 salariés du SYSAAF sont majoritairement localisés sur deux sites. Le site historique de Nouzilly où est basé son siège social, au Centre INRAE Val-de-Loire au sein de l'Unité Mixte de Recherches Biologie des Oiseaux et Aviculture (UMR-BOA). Le 2nd site se trouve dans le Laboratoire INRAE de Physiologie et Génomique des Poissons (LPGP) du Centre INRAE de Rennes, sur le campus de l'Université de Rennes-I à Beaulieu.

La Direction, les Services Administratifs et Financiers (TAF) ainsi que les services techniques avicoles et entomocoles, soient 13 personnes au 31 décembre 2020, sont historiquement localisés sur le site de l'INRAE de Nouzilly. Le fonctionnement des Services Administratifs et Financiers (TAF) repose sur les compétences et l'engagement de Rosine Richer, attachée de direction et de Marie-Christine Constantin, assistante administrative et depuis septembre 2020 complétées par celles de Steven Thiercelin, apprenti en 1^{ère} année de BTS GPME (Gestion des petites et moyennes entreprises). Ce service bénéficie en complément de l'implication de Michel Sourdioux en tant que directeur du SYSAAF. Huit ingénieurs sont hébergés sur le site de Nouzilly avec par ordre d'ancienneté, Benoît Desnoues, Sophie Brard-Fudulea, Maxime Reverchon, Romuald Rouger, Frédérique Renard-Dewynter, Roland Akakpo, Marie-Agnès Bergeot et Armel Donkpegan. Marion Charrier, doctorante rattachée au secteur avicole, pour réaliser une thèse en contrat CIFRE dans le cadre du programme GibAdapt est quant à elle hébergée dans un laboratoire du CNRS au sein de l'Université de Rennes-1. Les salariés des services avicole et entomocole travaillent sous la responsabilité hiérarchique et fonctionnelle de Sophie Brard-Fudulea. Sauf exception, les adhérents du secteur avicole n'ont pas d'interlocuteur privilégié au sein du service. Les salariés sont par ailleurs mobilisés sur un nombre croissant de programmes de R&D bénéficiant ou non de financements externes et concernant éventuellement des espèces aquacoles.

Pour l'antenne de Rennes, Pierrick Haffray est responsable hiérarchique des salariés du secteur aquacole et est également responsable technique des activités du secteur aquacole assisté par Anastasia Bestin en qualité d'adjointe. L'effectif du service technique aquacole, est de 8 salariés au 31 décembre 2020, en l'occurrence par ordre d'ancienneté Pierrick Haffray, Anastasia Bestin, Florian Enez, Romain Morvezen, Pierre Patrice, Mathieu Besson, Christophe Eklouh-Molinier. Yoannah François rattachée à ce service est quant à elle basée sur le site de l'ANSES de Plouzané, où elle coordonne les expérimentations au sein de la Plateforme Fortior-Genetics. Également sont rattachés à ce service trois doctorants recrutés en thèse CIFRE et répartis sur les sites suivants : Jonathan D'Ambrosio est hébergé au sein de l'unité GABI sur le site de l'INRAE du Centre de Jouy-en-Josas (78) dans le cadre du programme SG-Truite, Ronan Griot l'est au sein de l'unité MARBEC du site Ifremer de Palavas-les-Flots (34), programme GèneSea, et Antoine Jourdan sur le site Ifremer de La Tremblade (17) recruté dans le cadre des programmes QualityHuitre et AqualImpact.

Globalement ce sont donc 11 ETP qui travaillent exclusivement pour le secteur technique aquacole au 31 décembre 2020, auxquels il faut adjoindre des contributions plus ponctuelles d'autres salariés et du directeur. Un chef de projet et un suppléant sont identifiés pour chacun des adhérents et chaque projet de recherche et développement ; ceux-ci sont les interlocuteurs pré-identifiés avec lesquels les contacts doivent-être privilégiés.

2-3-3 Une démarche managériale :

Le renouvellement du personnel et l'augmentation du nombre de salariés sont autant d'opportunités pour élargir le spectre des compétences disponibles permettant de répondre aux nouveaux enjeux et besoins du SYSAAF et de ses adhérents. Dans ce contexte continu d'évolution des effectifs et compétences, associée à une dispersion géographique des salariés sur plusieurs sites, il est impératif de bien définir les missions de chacun et de renforcer l'organisation hiérarchique et fonctionnelle. La structuration engagée en 2019 a été stabilisée en 2020. Elle a permis d'intégrer aisément les nouveaux venus dans l'équipe SYSAAF en 2020, comme Armel Donkpegan, ingénieur entomocole sur le site de Nouzilly, et Michel Sourdioux, Directeur adjoint. Un comité de direction composé du directeur et des deux responsables de site est également mis en place en 2020, il a démarré son fonctionnement de façon régulière et intégré l'arrivée du directeur adjoint. Le rattachement hiérarchique et fonctionnel des salariés excentrés à l'un de ces 2 sites principaux est associé à la participation à une vie interne spécifique incluant des réunions de service régulières. Néanmoins, cette organisation ne préjuge pas d'un cloisonnement et les salariés ont l'opportunité de participer à des réunions intersites de différentes natures. Outre l'AG annuelle, le séminaire annuel de lancement traditionnellement organisé en septembre est l'autre rendez-vous annuel impliquant l'ensemble du personnel, y compris les CDD. C'est deux évènements habituels ont pu se dérouler en présentiel, grâce à un report de l'AG au mois de septembre. La plupart des autres travaux de groupe ont dû expérimenter le travail à distance et la visio-conférence. Les journées thématiques trimestrielles concernent quant à elles les salariés en CDI, alors que les réunions de transversalités et les nombreuses réunions de comité de pilotage de programme, de thèse, etc. organisées tout au long de l'année qui sont autant d'opportunités de rencontre et d'interactions, impliquent des cercles variés de salariés selon les thématiques à l'ordre du jour.

Cette organisation contribue indéniablement à la création de liens forts et à dynamiser la structure, en particulier au travers des 4 transversalités techniques qui ont largement contribué à accroître les synergies entre les sites de Nouzilly et Rennes. Ainsi, outre les Services Administratifs et Financiers (TAF), chacune des 4 transversalités techniques est animée par *a minima* un binôme d'animateurs provenant de chacun des sites. Une 5^{ème} concernant les Biotechnologies de la Reproduction s'est mise en place en 2020.

Les transversalités actuelles sont les suivantes :

- Développement Génomique (TDG) : Animateurs Sophie Brard et Romain Morvezen,
- Evaluation Génétique (TEG) : Animateur Roland Akakpo et Mathieu Besson,
- Systèmes Informatiques Partagés (TIF) : Animateurs Benoît Desnoues et Florian Enez (Koala, serveurs) ou Pierre Patrice (InfAqua),
- Démarche Qualité (TDQ) : Animatrice Frédérique Renard-Dewynter & Plusieurs référents thématiques spécifiques à Rennes).
- Biotechnologies de la reproduction : Animateur Maxime Reverchon

Le séminaire annuel du SYSAAF a été organisé les 15 et 16 septembre à Granville (50). L'un des objectifs est de faire le point sur les activités réalisées tout au long de l'année dans le cadre des différentes transversalités et surtout de se projeter sur ceux de l'année à venir. Cela a été l'occasion pour les salariés de rencontrer le futur directeur M. Michel Sourdioux. Ce séminaire est aussi un moment de convivialité pour les équipes. Ce fut la découverte aux larges des Îles Chausey de la zone de production de palourdes de la Société SATMAR, adhérente aquacole du SYSAAF.

La mise en place du comité social et économique, au plus tard avant le 31 décembre 2019, était obligatoire dans les entreprises dont l'effectif atteignait au moins 11 salariés pendant 12 mois consécutifs (art. L. 2311-2) ; le SYSAAF était donc concerné d'autant que des constats de carence avaient été établis lors de précédentes initiatives visant à élire des délégués du personnel. En raison des effectifs du SYSAAF, l'effectif minimum de membre de ce conseil était de 1 représentant du personnel titulaire et d'un suppléant, issus des salariés CDD et CDI. La présence de candidats et suppléant, conjugué à un désir d'avoir une bonne représentation et un prévisionnel d'évolution des effectifs indiquant que le seuil de 25 salariés serait rapidement atteint, il a été proposé par la direction d'opter pour l'élection de 2 représentants et 2 suppléants. L'élection a eu lieu au second semestre 2019 et le CSE officiellement mis en place au 1^{er} Janvier

2020. Les titulaires sont respectivement Ms. Romain Morvezen (Rennes) et Maxime Reverchon (Nouzilly) et les suppléants Mme Yoannah François (Plouzané) et M. Romuald Rouger (Nouzilly).

Le CSE a donc pu prendre son fonctionnement de façon régulière avec plusieurs réunions dans le courant de l'année, c'est un lieu de dialogue complémentaire aux autres lieux d'échanges, sur des sujets importants de la vie dans l'entreprise.

La pandémie de COVID-19 aura cependant marqué les conditions de travail et nécessité d'adapter le management. La mise en place du télétravail de façon strict ou de façon plus souple en fonction des périodes a conduit à rechercher d'autres façon d'échanger et de garder une vie de groupe. Cela s'est principalement fait par la mise en place de courte réunion en visio-conférence du matin regroupant les salariés rattachés à Nouzilly d'une part et ceux rattachés à Rennes pour garder le lien social et un travail collectif.

Une enquête auprès des salariés et des adhérents aura été réalisée pour mesurer l'impact de ces nouvelles conditions de travail et présentée à l'AG de septembre 2020.



Les salariés du SYSAAF en séminaire de rentrée à Granville (50) en Septembre 2020, accueillis sur une zone de production de palourdes par la SATMAR (Îles Chausey).

2-3-4 Une démarche qualité

Le volume horaire de cette transversalité représente l'équivalent d'un ½ ETP en 2020. Les principales tâches ont été la mise à jour et la maintenance de l'OGT 2020, ainsi que la préparation de celui de 2021, le suivi et l'approbation des procédures utilisées dans les différents services du SYSAAF, un travail prospectif sur les outils de communication et le déploiement et la maintenance de l'outil de Gestion Électronique des Données (GED).

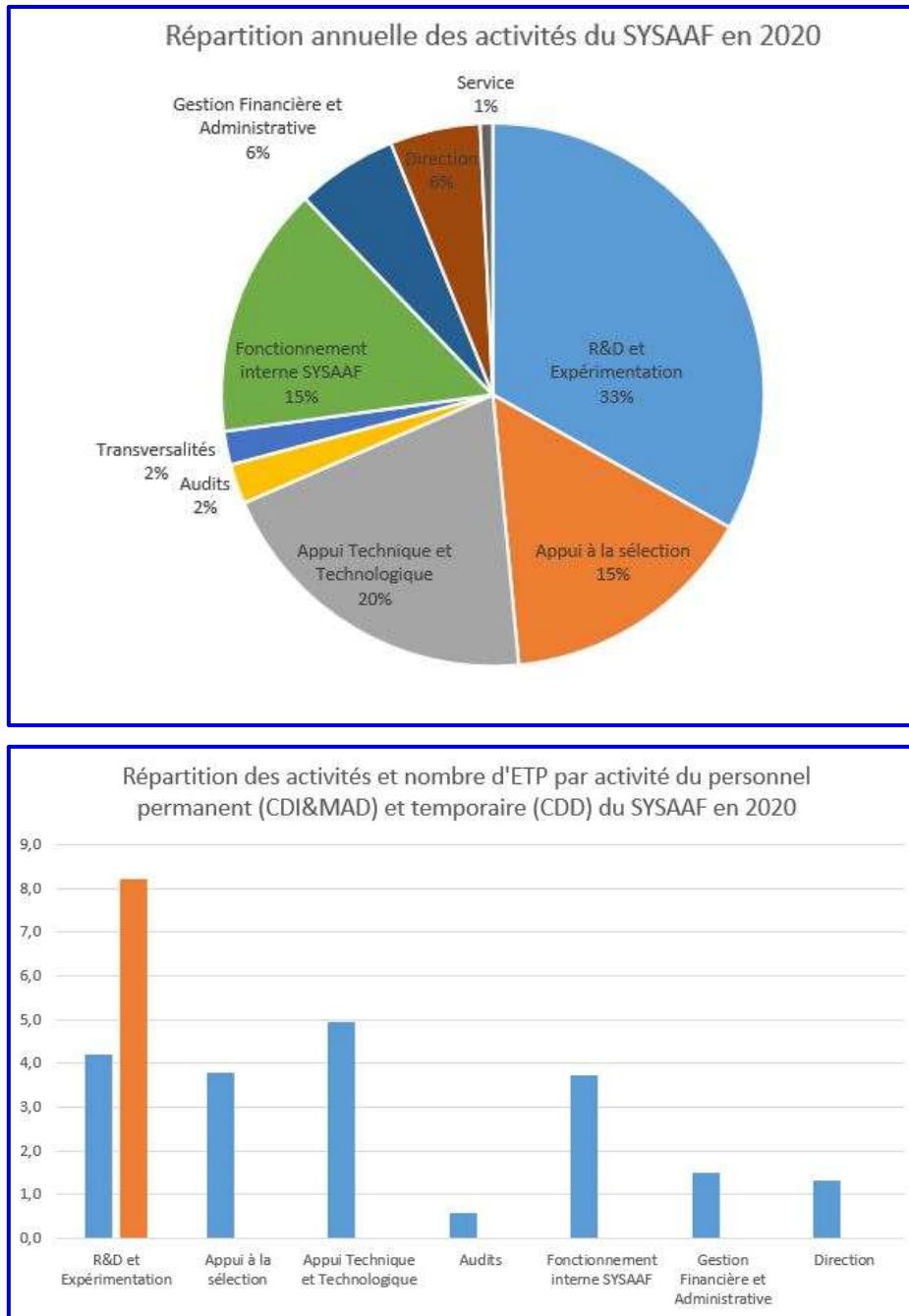


Figure 6 : Répartition annuelle par activité et en nombre d'ETP du personnel permanent (CDI & MAD) et temporaire (CDD) du SYSAAF en 2020 (24,77 ETP dont 1 MAD, 18 CDI et 5 CDD).

L'Outil de Gestion du Temps (OGT) qui est fonctionnel depuis 2015 permet de calculer automatiquement les temps de travail exprimés en heure et en pourcentage de chaque agent pour chaque activité, par jour, semaine ou mois, avec des récapitulatifs mensuels et/ou annuels. Les versions successives de cet outil ont beaucoup évolué. Les temps mensuels de l'ensemble des agents sont compilés pour quantifier 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. (Figure 6). Il permet aussi une analyse plus fine, outil indispensable pour justifier des temps de travail dans les programmes d'expérimentation et projets divers auprès de nos financeurs et des services fiscaux (CIR). Cet outil a aussi permis de faire évoluer la tarification de l'appui technique spécifique apporté aux adhérents, en fonction de sa nature et de son degré de complexité.

Dans un processus de traçabilité, la rédaction de procédures et leurs mises à jour, en décrivant précisément un processus opératoire, permet de préserver les savoir-faire et d'améliorer l'efficacité d'une prise en charge des missions par de nouveaux utilisateurs en les guidant de façon claire sur un mode opératoire. Des procédures sont rédigées au sein des différents services du SYSAAF et actualisées à chaque fois qu'une modification est apportée au mode opératoire. Ces procédures seront classées dans la base de données d'un outil de Gestion Électronique des Documents (GED), dont le SYSAAF a fait l'acquisition fin 2018.

Enfin, la mise à jour et l'actualisation du site internet *sysaaf.fr* sont régulièrement faites (Figure 7), certains documents étant également traduits en anglais.

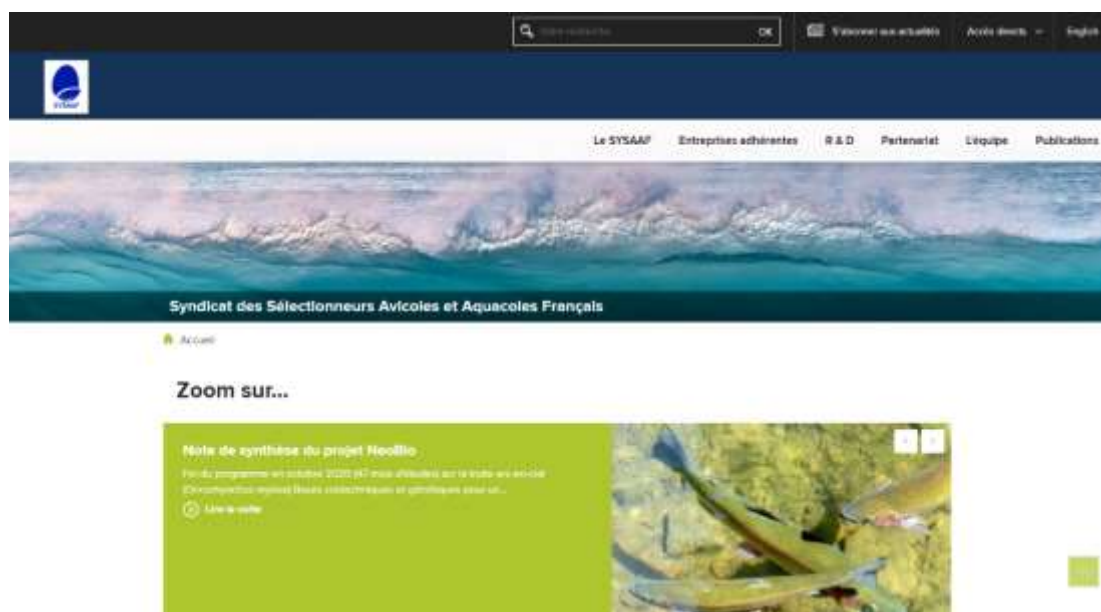


Figure 7 : Illustration de la page d'accueil du site internet du SYSAAF (www.sysaaf.fr)

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 composé 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 ou techniques ou des programmes expérimentaux (Annexe 5). D'autres ne peuvent être assurées qu'en interne par d'autres agents du SYSAAF, principalement dans le cadre des transversalités.

Les formations assurées par les organismes agréés peuvent être partiellement prises en charge par l'OPCO, l'OCAPIAT qui en tant qu'opérateur de compétences pour la Coopération Agricole, l'Agriculture, la Pêche, l'Industrie Agro-alimentaire et les Territoires est en phase avec nos activités.

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 entrant dans le cadre des conventions de partenariat que nous avons avec l'INRAE, l'Ifremer et l'ANSES. Interactions facilitées par l'hébergement du personnel permanent au sein d'unités INRAE, mais aussi de l'ANSES et du CNRS pour deux d'entre eux. Concernant les doctorants, ils sont systématiquement accueillis au sein d'organismes de recherche.

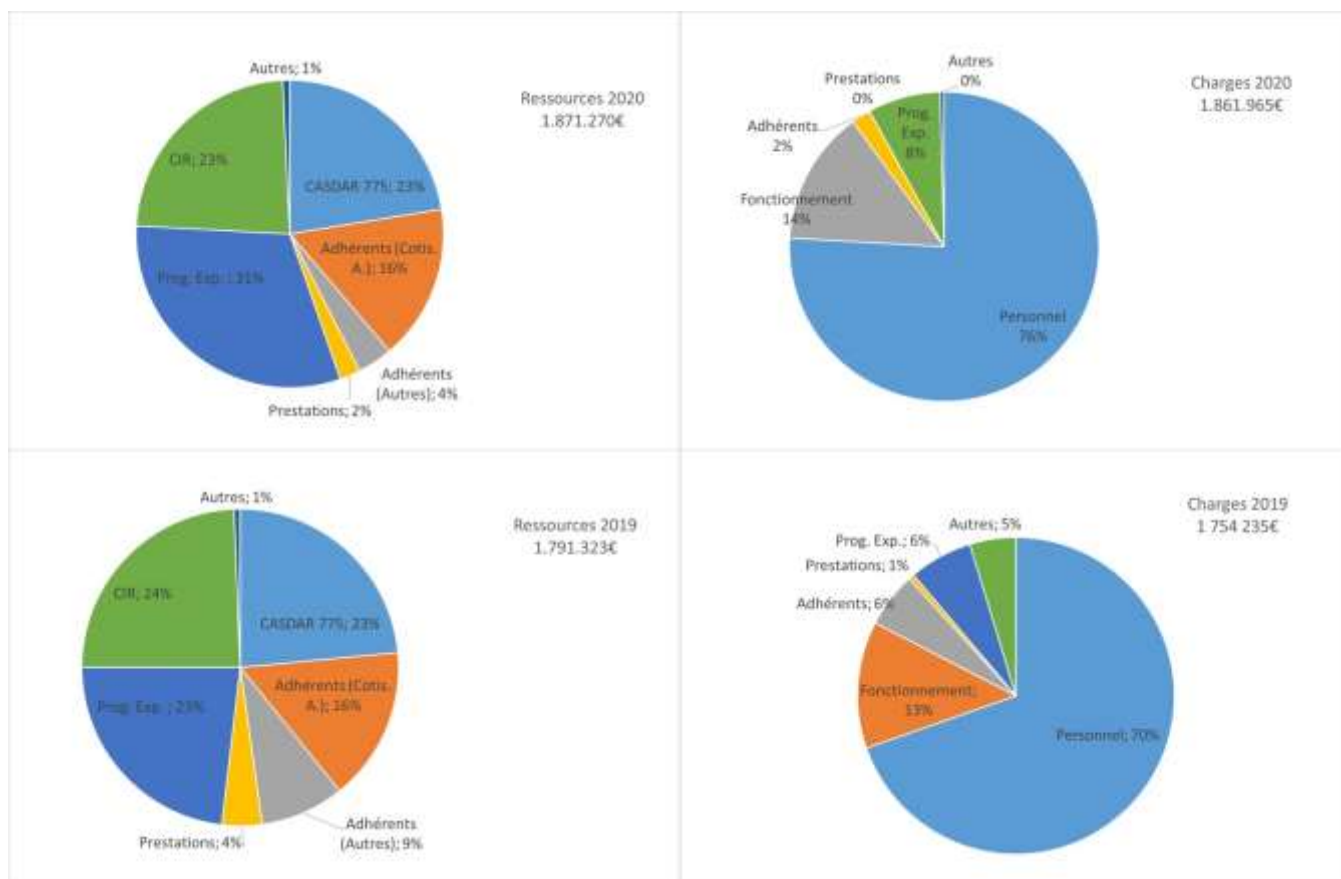
2-3-6 Une gestion des risques professionnels

M. Romain Morvezen et Mme Frédérique Renard-Dewynter sont titulaires du brevet SST (Sauveteur Secouriste du Travail), et sont également Assistants de Prévention des risques professionnels chacun sur leur site de travail respectif et en lien avec les Centres d'accueil INRAE. L'année 2020 a été également l'occasion de mettre à jour le Document Unique d'Évaluation des Risques.

2-4 Ressources financières

2-4-1 Budget annuel 2020

Le budget 2020 du Syndicat présente un excédent de +9 306€, pour un budget global sur l'exercice d'un montant de 1 871 210€ (Figures 9). Ce budget global est la résultante d'un résultat d'exploitation négatif de -420 886€, d'un résultat financier positif de +804€ et d'un crédit d'impôt (Crédit Impôt Recherche, CIR) déposé à l'administration fiscale de 438 082€. Ce budget est en augmentation par rapport à celui de 2019 d'environ 4% (+79k€) et s'établit comme le deuxième budget le plus élevé dans l'histoire du SYSAAF après celui de 2018 (1 918 547€) (Figure 8). Une nouvelle fois, ce sont les variations des produits associées aux programmes expérimentaux, qui expliquent principalement ces mouvements (31% des ressources), le CIR étant lui aussi impacté (en valeur) par cet accroissement d'activité recherche. Le CIR représente comme en 2019 presque un quart des ressources financières globales (23%), permettant ainsi de compenser le déficit



du résultat d'exploitation.

Figure 8 : Répartition des charges et produits des budgets 2018 et 2019 du SYSAAF.

Le soutien dans le cadre de l'enveloppe "CASDAR Programme 775" a été de 419 786€ en 2020, stable par rapport à 2019 (421 001€) (-0.3%). Pour mémoire, il était de 422.586€ en 2018, mais de seulement 350.000€ en 2014. Ce soutien représente donc également environ un quart du budget global du SYSAAF (23%) correspondant à 30% des produits avant impôt. En 2020, les diverses facturations aux adhérents (adhésions et frais d'expérimentation-sélection) en légère baisse, représentent également près d'un quart du budget (20%) ; les prestations hors adhérents et produits "autres" représentant moins de 5%.

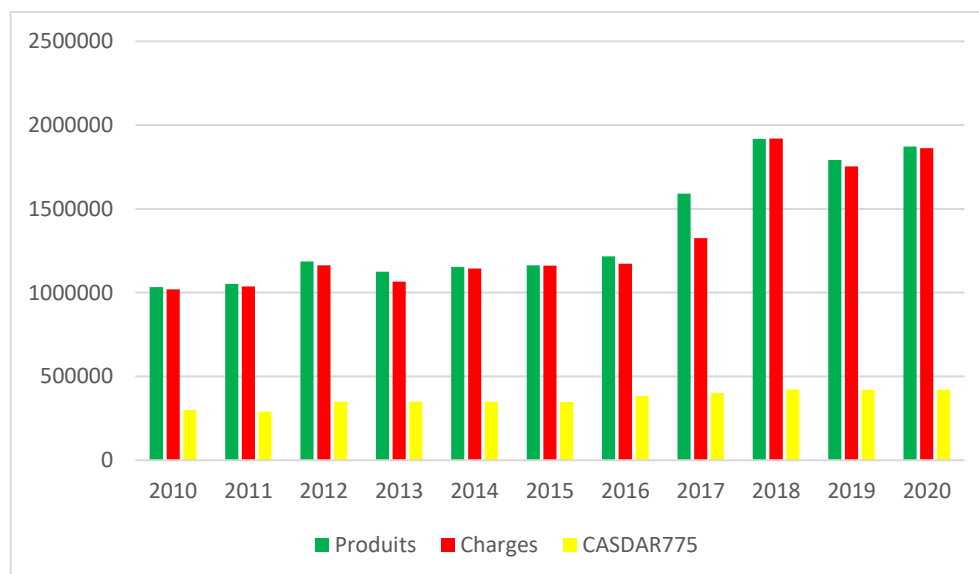


Figure 9 : Evolution des budgets annuels du SYSAAF depuis 2010 et du soutien financier perçu annuellement dans le cadre de l'enveloppe Génétique Animale (Programme CASDAR 775).

Concernant les charges, les frais de personnel représentent plus de 75% du montant total des charges, incluant, pour la dernière fois, la prise en charge auprès de l'INRAE de la mise à disposition du directeur. La masse salariale est en nette augmentation (+13%) par rapport à 2019, elle résulte de l'augmentation du nombre de salariés, cette augmentation étant directement reliée à l'accroissement du nombre de programmes de recherche dans lesquels est impliqué le SYSAAF. Néanmoins, la prise en charge des frais de personnels dans les programmes expérimentaux est très souvent limitée à 70 ou 80% : cela rend structurellement déficitaire la participation du SYSAAF dans la recherche. Les dépenses résultant des programmes expérimentaux sont elles aussi en hausse, en revanche les dépenses de fonctionnement de base du SYSAAF sont en diminution.

2-4-2 Trésorerie

La trésorerie disponible au 31 Décembre 2020 est positive, s'élevant à 519 731€ vs 588 219€ au 31 Décembre 2019, (Figure 10). Les avances-prêts qui avaient été accordées au SYSAAF en 2017 par cinq adhérents aquacoles pour un montant global de 368.409€ ont au 31 décembre 2020 été totalement remboursées. (Achat de puces de génotypage, préalable au démarrage des projets SG-Truite et GeneSea financés par le programme FEAMP). Pour mémoire dans le cadre des FEAMP, la perception d'un premier versement du financement octroyé ne peut être sollicité qu'après un délai de 12 mois et à condition d'avoir globalement atteint un seuil de 30% des dépenses éligibles réalisées, pouvant causer des difficultés de gestion de trésorerie.

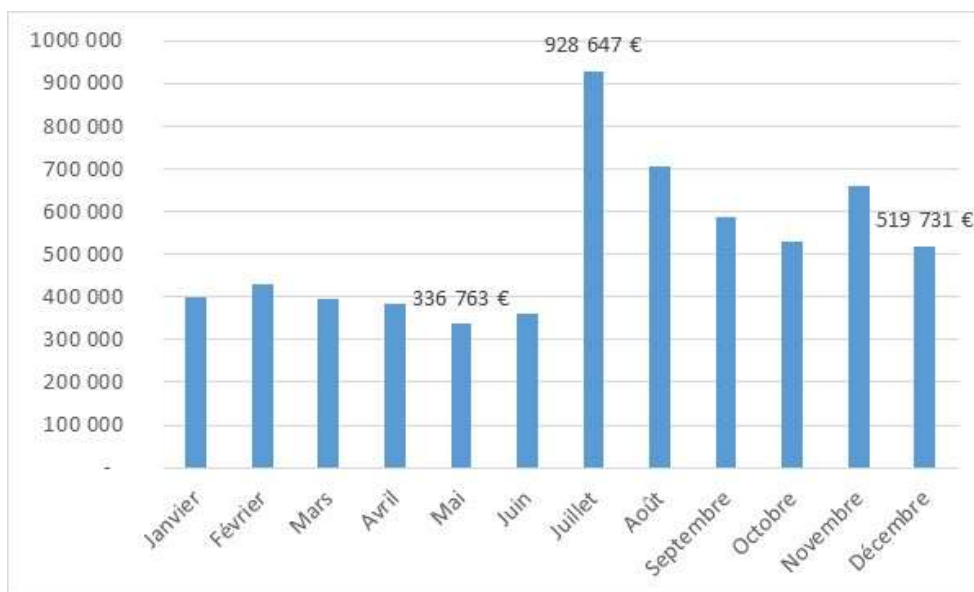


Figure 10 : Evolution mensuelle du solde de la trésorerie en 2020

Le 1^{er} versement du financement du programme CAS-DAR 775 de l'année 2020, correspondant à un montant d'environ 120K€ n'avait pas encore été perçu au 31 Décembre 2020. Dans la trésorerie 2020, ce sont les financements CASDAR de 2019 qui sont intervenus, en janvier pour un versement de 126 300€ et en juillet pour 2020 pour le solde 2019, d'un montant de 294 701€.

Le SYSAAF a perçu le versement du CIR de l'exercice 2019, pour un montant de 406 869€ en juillet 2020, soit 3 mois après le dépôt des liasses fiscales, permettant ainsi une trésorerie nettement positive sur le deuxième semestre de l'année.

2-4-3 Tarifs des prestations aux adhérents en 2020

Correspondant à environ 20% des recettes en 2020, les facturations des adhérents sont constituées pour environ 80% des cotisations annuelles et des frais de lignées, dont les montants sont fixés annuellement lors de l'assemblée générale pour l'année n+1. Depuis 2014, les montants des cotisations annuelles sont restés stables à des fins d'équité en équilibrant progressivement le ratio global des facturations pour la cotisation annuelle et les frais de lignées, par contre elles diffèrent selon le secteur d'activité (avicole ou aquacole). A *contrario*, afin d'établir une certaine équité entre les adhérents en tenant compte du temps passé en termes d'appui technique, des révisions régulières des modalités de facturation et des coûts facturés à la lignée et par conséquent à la session de traitement pour le secteur avicole, ou la typologie du programme de sélection pour le secteur aquacole, ont été appliquées depuis cette date. Une analyse réalisée en 2018 sur les données de facturation de l'année 2017, selon les mêmes modalités que l'année précédente avait confirmé que l'objectif d'équité entre les adhérents n'était pas atteint dans chacun des secteurs. Pour y concourir, il était nécessaire d'augmenter le coût de facturation des prestations les plus chronophages, sachant par ailleurs qu'il n'y avait pas précédemment de tarif spécifique pour la sélection génomique quel que soit le secteur. De ce fait, il a été décidé en 2018 d'augmenter le coût de facturation des sessions de traitement de la catégorie C (15 caractères ou plus) et d'en fixer une spécifique pour la catégorie D (Sélection Génomique) dans le

secteur avicole. De la même façon, il est décidé pour le secteur aquacole de fixer des tarifs pour la sélection génomique, ainsi que pour les traitements de choix de candidats destinés à faire de la multiplication, actuellement non facturés. Ces nouvelles tarifications ont pris effet en 2019 et ont été conservées en 2020, exception mise à part d'une augmentation des tarifs des frais à la lignée de 1.8% votée en AG 2019.

Le principe d'une évolution des tarifications qui soit *a minima* systématiquement indexée sur l'indice INSEE de l'année N-1 a été adopté lors de l'AG 2019, sachant qu'une révision à la hausse pourrait être décidée pour tenir compte d'une conjoncture particulière.

Les fiches tarifaires votés en AG le 24 septembre 2020 pour les secteurs avicoles et aquacole sont disponibles sur demande. Enfin, pour mémoire, il a été décidé en 2019 que les entreprises adhérentes du secteur entomocole seraient soumises aux tarifications en vigueur dans le secteur aquacole pour les conditions d'adhésion au SYSAAF. Cette tarification a donc été appliquée en 2020, mais une tarification plus spécifique sera développée en fonction de l'évolution des méthodes pouvant être mises en place pour le secteur.

Les activités sous-jacentes des agents du service administratif pour l'établissement des comptes ici résumés sont restées à un niveau important. Ainsi le nombre de lignes d'écritures comptables enregistrées a diminué en 2020 à 3 971 versus 4 526 en 2019 et 4 471 en 2018. La diminution des déplacements des salariés, expliquée par la crise COVID, en est la principale cause. Concernant le nombre de comptes mouvementés, il est de 285 en 2020 versus 306 en 2019 et 242 en 2018. Au-delà des seules activités comptables, le volume global des activités des services administratifs et financiers est resté élevé, avec une activité de suivi RH et contractuelle soutenue, embauches, report de contrats, ... ainsi de nombreux avenants ont dû être élaborés ou suivis en 2020. A partir de septembre, le recrutement de Steven Thiercelin en contrat d'apprentissage dans le service dans l'objectif de préparer le départ en retraite de Marie Christine Moreau a aussi généré un travail de formation supplémentaire.

2-5 Adhérents

Les listes des adhérents du SYSAAF et des espèces qu'ils sélectionnent en 2020, ainsi que l'historique des adhésions depuis 1991, année au cours de laquelle le SYSAF est devenu le SYSAAF en intégrant une 1^{ère} espèce piscicole, la truite arc-en-ciel, sont rapportées dans les tableaux 2 et 3. La liste 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, est rapportée en annexe de ce rapport (Cf. Annexes 1 [secteur aquacole], 2 [secteur avicole] & 3 [secteur entomocole]).

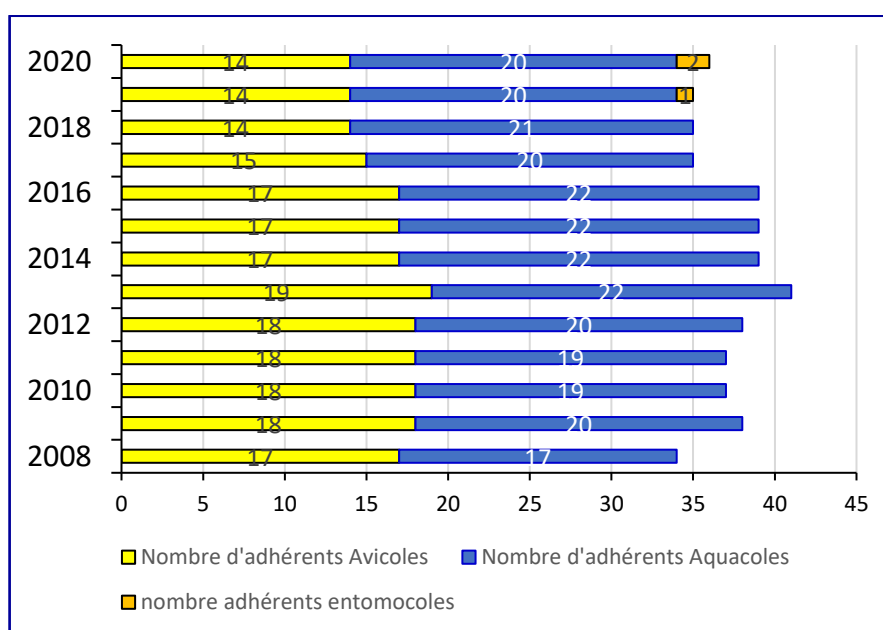



Figure 11 : Évolution du nombre d'adhérents au SYSAAF depuis 2008



Le SYSAAF comptait 36 adhérents (ou assimilés) actifs à jour de leurs cotisations lors de l'AG 2020, soit 20 adhérents pour le secteur aquacole, 14 pour le secteur avicole et 2 pour le secteur entomocole (Figures 11 à 14, Tableaux 2 à 4). Le nombre d'adhérents est un indicateur d'activité du SYSAAF qui peut bien entendu être sensible à la qualité de l'appui technique apporté, néanmoins celui-ci est également 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 ou encore de cessation d'activité. Il en résulte une concentration des entreprises de sélection au sein de grands groupes internationaux qui est très perceptible au sein du SYSAAF, notamment dans le secteur avicole. Ainsi ce ne sont pas moins de 8 structures qui sont filiales de groupes internationaux, 3 pour les groupes Grimaud et Hendrix-Genetics et 1 pour chacun des groupes Aviagen et LDC, représentant plus de la moitié des adhérents du secteur avicole. Dans une moindre mesure, cette tendance est également perceptible pour les adhérents du secteur aquacole puisque si elles ne représentent aujourd'hui 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). Dans ce contexte de concentration, le nombre d'adhérents ne peut logiquement que décroître, néanmoins cette tendance est contrebalancée par des demandes d'adhésion pour un appui technique à la sélection de nouvelles espèces, comme actuellement pour différentes espèces de crevettes, ou encore d'insectes.

Tableau 2 : 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	2019	2020
3A	<i>Truite Arc en Ciel</i>																														
ADECAL (Nouvelle Calédonie)	Crevette bleue																														
Alpes Aquaculture	<i>Truite Fario</i>																														
Aqua.Etude.Indust	<i>Silure, Carpe</i>																														
Aqualande - Les Sources de l'Avance	<i>Truite Arc en Ciel</i>																														
Aquamay	<i>Ombrine</i>																														
Aqua. Ouest	<i>Truite Arc en Ciel</i>																														
EM Gravelines	<i>Bar</i>																														
Aquanord EMG-Icthus	<i>Bar-Daurade</i>																														
CNSS	<i>Saumon Svg</i>																														
ELSAMER	<i>Truite Fario</i>																														
Blue Genetics	<i>Crevettes à pattes blanches</i>																														
Eclos. de Guyenne	Esturgeons sibérien & gulden																														
Esturgeonnaire	Esturgeon sibérien																														
DRMM (Polynésie)	Crevette bleue																														
Ferme Marine du Douhet	<i>Bar, Daurade</i>																														
France Turbot Icthus	<i>Turbot</i>																														
France Turbot	<i>Turbot</i>																														
France Turbot	<i>Huitre</i>																														
Marinove	<i>Huitre creuse</i>																														
Mascareignes Services (SAS)	Crevette Tigre																														
FD29	<i>Truite Fario</i>																														
FDAAPPMA 06	<i>Truite Fario</i>																														
France Haliotis	<i>Ormeau</i>																														
Génocean - Graineocean	<i>Huitre creuse</i>																														
Lucas-Perches	<i>Perche</i>																														
MIGADO	<i>Saumon Svg</i>																														
Pisciculture Charles Murgat	<i>Truite Arc en Ciel, Truite Fario, Omble alpin & Omble des fontaines</i>																														
Milin-Nevez (AB)	<i>Truite Arc en Ciel</i>																														
Novostrea	<i>Huitre creuse</i>																														
P2M (Monaco)	<i>Bar (Loup), Daurade</i>																														
Pisc. Font Rome	<i>Truite Arc en Ciel</i>																														
Pisc. Menaouen	<i>Truite Arc en Ciel</i>																														
Les Poissons du Soleil	<i>Maigre, Bar (Loup)</i>																														
Salmonidés D'Aquitaines	<i>Truite Fario</i>																														
Salmonidés D'Aquitaines	<i>Truite Arc en Ciel</i>																														
R&O Seafood Gastronomie (SAS)	Crevette Tigre																														
SATMAR	<i>Huitre creuse, Palourde</i>																														
SODABO	<i>Huitre creuse</i>																														
SF Conchylicole	<i>Huitre creuse</i>																														
Sparus																															
Vendée Naissain	<i>Huitre creuse</i>																														
Viviers de France	<i>Truite Arc en Ciel</i>																														
Viviers de Sarrance	<i>Truite Arc en Ciel</i>																														
Sélectionneurs		5																	8	11	11	10	15	15	17	17	18	18	19	20	19
Eclosseurs - Gestionnaires de Population		1																	8	10	10	11	7	7	5	5	4	2	2	1	1
Nombre d'Adhérents (Actifs)		6	9	11	16	15	12	10	11	10	11	15	15	14	14	15	16	17	20	19	19	20	22	22	22	22	20	21	21	20	
Nombre d'espèces faisant l'objet de sélection ou gestion génétique		2																						11	12	12	14	15	16	17	17
Adhérents actifs	Piscicoles Eaux Douces	6																					8	8	8	9	8	8	7	7	
	Piscicoles marines	0																						5	5	6	4	4	4	4	4
	Restauration Ecologique	0																						3	2	2	2	1	1	1	1
	Conchylicoles	0																						7	7	6	6	4	3	3	3
	Crevetticoles	0																						0	1	1	3	3	5	5	5
		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	2019	2020

Tableau 4 : Liste des structures adhérentes au SYSAAF et de leurs espèces d'intérêt en 2020.

• 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 : faisán, perdrix rouge.



Mouche Soldat Noire



Agronutris

• Salmonidés (Truite arc-en-ciel, truite fario, omble de fontaine - omble alpin, saumon atlantique,)



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




• Mollusques [Huitre creuse, huitre plate, palourde grise japonaise, ormeau]



• Crevettes [crevette bleue, crevette tigre (Monodon) et crevette à pattes blanches (Vanamei)]





Concernant les races locales de volailles, les contacts initiés en 2019 ont permis de démarrer des travaux visant à rationaliser la gestion génétique des cheptels. La collaboration avec l'association pour la sauvegarde et la valorisation de la poule Noire de Challans a permis de tester des protocoles d'échantillonnage en vue d'extraction d'ADN. Un algorithme de recuit-simulé, frère de celui inclus dans le pack OptiVar, a été développé afin de pouvoir définir des plans d'accouplement optimaux sur la base de matrice de distance génétique. Les résultats du projet RefGenDivA ont été valorisés par la création d'une puce d'assignation de parenté qui sera utilisée en technologie KASPar. Cette puce est opérationnelle et sera utilisée sur la poule Noire de Challans au cours des premiers mois de 2021. Tout ou partie de ces outils bénéficieront également à d'autres races locales. Ainsi dans le cadre du projet PalmiP, des échantillons de sang provenant de deux races locales de canards Normands (canard de Rouen et canard de Duclair) ont été collectés. Ces échantillons seront analysés en 2021 sur la puce 600K issues du projet CanArray en vue de la production d'un panel d'assignation de parenté courant 2021. Enfin, des contacts sont noués avec divers collectifs de sauvegarde et conservatoire pour la définition de futurs projets (CREGENE, Conservatoire des Races d'Aquitaine, URG, CRAPAL).

Le nombre d'adhérents du secteur aquacole est de 20. Le SYSAAF apporte également un appui technique sous la forme de prestations récurrentes ou ponctuelles à quelques entreprises étrangères du secteur aquacole.

Répartition des 36 adhérents du SYSAAF, au 1^{er} Janvier 2020 :

- **14 adhérents pour le secteur avicole pour 9 espèces**, dont 4 sélectionneurs de races «locales» et 1 de gibier. Le statut de ses adhérents est de type associatif pour 2 structures et de statut privé pour les 12 autres (1 SCEA, 1 SARL, 10 SAS).

- 20 adhérents pour le secteur aquacole, pour 19 espèces dont :

- **19 sélectionneurs** : 7 d'espèces piscicoles dulçaquicoles (7 SAS), 4 piscicoles marines (3 SAS, 1 SCEA), 3 conchylicoles [3 ostréicoles (3 SAS)] et 5 crevetticoles (1 Asso.),

- **1 écloseur** : 1 (Asso) pour l'activité de repeuplement-restauration écologique d'une espèce piscicole dulçaquicole (Saumon Atlantique).

Se répartissant donc en :

- **8 adhérents pour des espèces piscicoles dulçaquicoles**, dont 1 pour l'activité de repeuplement-restauration écologique [7 sélectionneurs & 1 écloseur ; 7 espèces : truite arc-en-ciel (6), truite fario (2), esturgeon sibérien (2), esturgeon guldenstatii (1), 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)],

- **3 adhérents pour des espèces conchylicoles** [3 sélectionneurs ; 4 espèces : huitre creuse (3), palourde (1)],

- **4 adhérents & 1 membre associé pour une espèce crevetticole** (4(+1)) sélectionneurs ; 3 espèces : Crevette bleue (1(+1)), crevette tigre (2), crevette à pattes blanches (1).

- **2 adhérents pour le secteur entomocole pour 1 espèce**, la mouche soldat noire, ainsi qu'une nouvelle demande d'adhésion concernant la même espèce, en cours d'instruction pour l'année 2020. L'adhésion de la société Agronutris a été validée lors de l'AG de septembre 2020.



Figure 12 : Localisation (siège social) des entreprises avicoles adhérentes au SYSAAF en 2020



Figure 13 : Localisation (siège social) des entreprises aquacoles adhérentes au SYSAAF en 2020

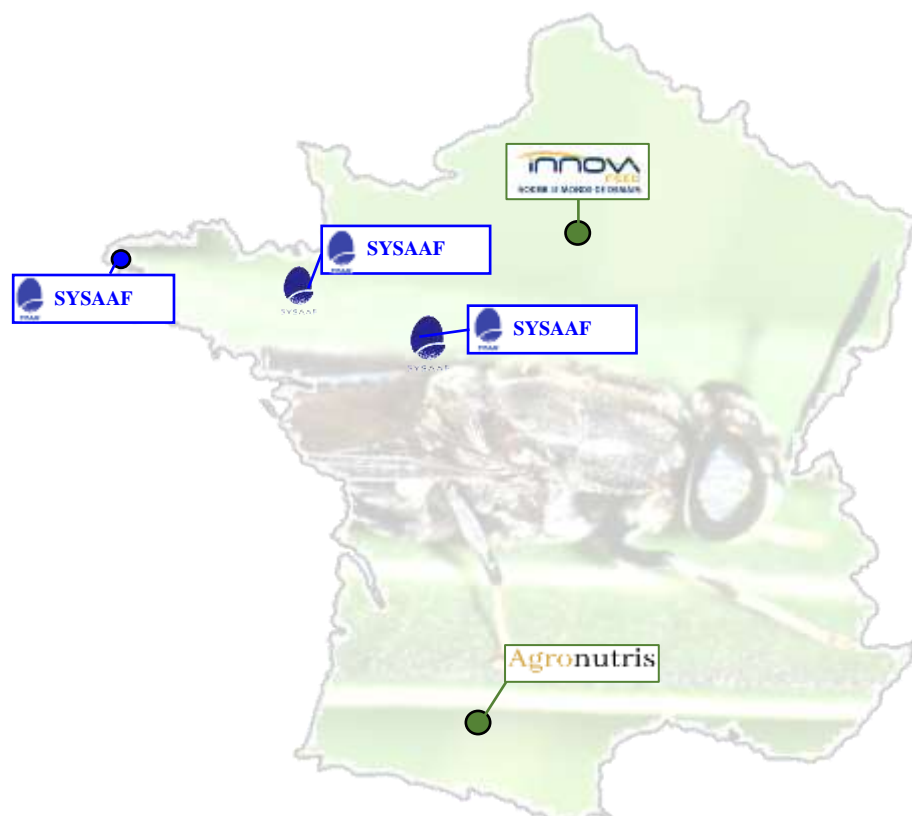



Figure 14 : Localisation (siège social) des entreprises entomocoles adhérentes au SYSAAF en 2020

2-6 Espèces

Le SYSAAF assure une mission d'appui technique à l'amélioration et la gestion des ressources zoogénétiques et aux biotechnologie de la reproduction dans le cadre d'une mission officielle déléguée par l'ITAVI (Arrêté du 31 juillet 2007) pour une liste restrictive d'espèces. Cette délégation concerne une liste positive de 49 espèces (Annexe 13), après validation de l'ajout de 2 nouvelles espèces, la crevette tigre et la mouche soldat noire, lors de la CNAG du 23 Octobre 2018. Deux espèces pour lesquelles le SYSAAF a fait l'objet de demandes d'appui technique de la part d'entreprises désirant sécuriser la diversité génétique de leurs cheptels en mettant en place des schémas de domestication-sélection. Ces 49 espèces ne font pas toutes aujourd'hui l'objet de programmes de sélection généalogique, mais cette démarche permet de porter à la connaissance du Ministère, les espèces pour lesquelles des populations font l'objet de programmes de domestication et sont susceptibles de faire l'objet de programme de sélection à brève échéance. En 2020, ce sont des populations de 18 espèces, sur celles faisant l'objet de schéma de sélection pedigree, qui ont fait l'objet d'activités de traitements de données au SYSAAF en 2020 (9 espèces avicoles, 1 espèce entomocole et 8 aquacoles).

Le nombre de lignées pures ou populations par adhérent est de 1 ou 2 pour les espèces aquacoles et en moyenne de 8,8 pour les espèces avicoles (5 à 16). Globalement, 118 lignées ou populations (88 lignées avicoles [dont 22 de races locales] & 30 populations aquacoles) ont fait l'objet d'un suivi en 2020, dont 96 (88 lignées avicoles & 8 populations aquacoles) ont fait l'objet de traitement de données pour une sélection généalogique avec connaissance des pedigrees 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 1 à 4 sessions de traitements



à chaque génération, avec en moyenne 3 sessions par an 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 : 17 espèces aquacoles** présentes chez nos adhérents font l'objet de protocole de sélection, auxquelles il faut en adjoindre plusieurs autres dans le cadre d'une prestation spécifique externe. Dans ce contexte, le SYSAAF gère **28 populations aquacoles pour ses adhérents, dont 10 en sélection généalogique avec utilisation du BLUP et 5 en massale intrafamiliale assistée par assignation de parenté. 8 lignées de trois** espèces aquacoles présentes chez nos adhérents ont fait l'objet de traitements BLUP ou GBLUP (Sélection génomique) en 2020. Les animaux des espèces aquacoles sont normalement utilisés en lignée pure pour la production des produits commerciaux. Globalement, ce sont 350 006 nouvelles données phénotypiques issues de 68 353 nouveaux individus sur 635 822 au total, qui ont fait l'objet d'enregistrement dans la base de données aquacole SYSAAF en 2020.

- **Espèces avicoles : Des données de 9 espèces avicoles** appartenant à 13 adhérents différents ont fait l'objet d'au moins un traitement en 2020. Cela représente 88 lignées ou populations en sélection généalogique soit 268 sessions de traitement dont 16 sessions en génomique. Ce nombre d'espèces ne prend pas en considération les spécificités des finalités correspondant aux produits commerciaux. Ainsi, les produits terminaux qui résultent majoritairement de croisement 3 ou 4 voies, 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 opposés. Concernant les canards, les produits terminaux peuvent être soit la chair pour les deux espèces ou le foie gras et le magret pour le canard mulard qui est un hybride entre ces deux espèces ; c.à.d. un mâle de l'espèce canard de barbarie et une cane commune. Dans ce contexte de diversité et spécificité, ces différentes espèces se déclinent en un nombre important de lignées compris entre 1 et 45 par espèce au SYSAAF, avec une moyenne de 9,8. L'espèce *Gallus* représente environ 50% des lignées traitées au SYSAAF. Globalement, ce sont 266.600 nouveaux individus, correspondant à 2.049.511 nouvelles données phénotypiques qui ont fait l'objet d'enregistrement dans la base de données avicole SYSAAF en 2020.

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 correspondant à des objectifs de sélection pondérés à chaque génération pour chacune des lignées.

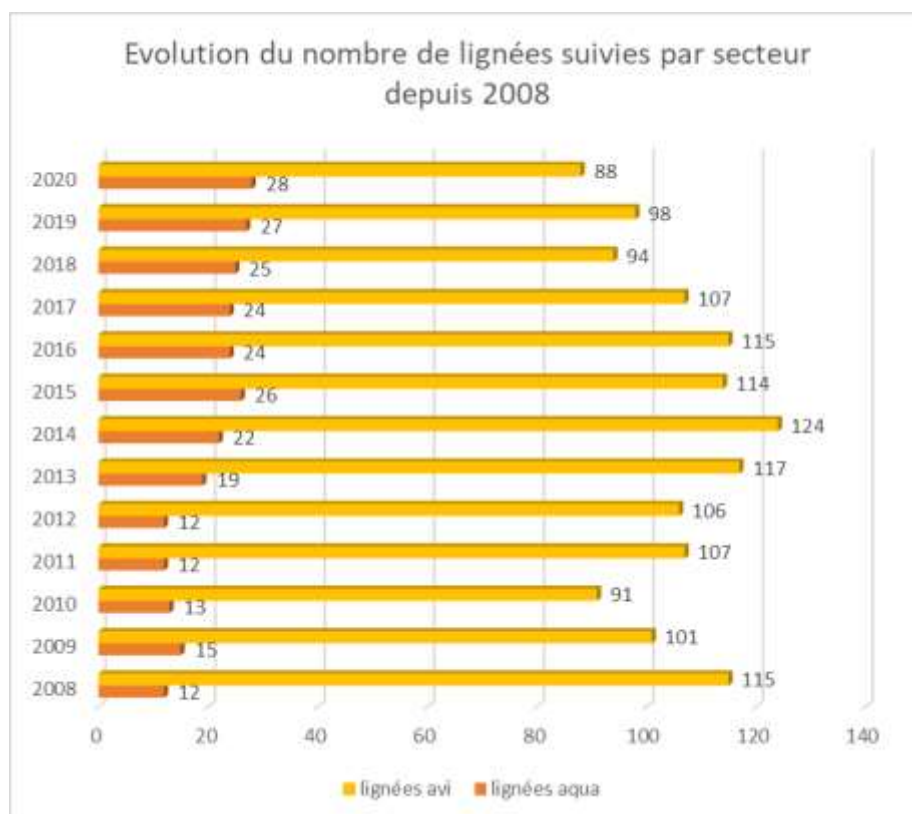


Figure 15 : Évolution du nombre de lignées aquacoles et avicoles suivies annuellement par le SYSAAF depuis 2008

- **Espèce entomocole** : Les premiers travaux de sélection et de suivi génétique de lignées de mouches soldat noires ont pu commencer avec les deux adhérents en 2020 sous des formes plus ou moins expérimentales. Tous ces travaux visent en partie à valider différentes preuves de concepts en fonction de diverses options choisies avec chaque adhérent.

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 :


- 1 - des textes règlementaires régissant les associations syndicales (Loi 1884),
- 2 - des statuts du SYSAAF (Version en vigueur adoptée en AG extraordinaire le 10 Juin 2010),
- 3 - du règlement Intérieur du SYSAAF (Version en vigueur adoptée en Conseil d'Administration du 6/4/2011),
- 4 - de la délégation de responsabilités par l'ITAVI, renouvelée pour la période 2018-2022.

La qualité de l'expertise du SYSAAF repose sur les compétences de ses ingénieurs qui sont mises à jour dans un processus continu de formation et de renouvellement des connaissances, en réalisant une veille bibliographique et en participant à des congrès scientifiques nationaux et internationaux, mais en premier lieu au travers de collaborations fortes avec les acteurs de la recherche dans le cadre de co-constructions et de participations à des programmes de recherche. Concrètement, les scientifiques du SYSAAF, au nombre de 19 fin 2020 auxquels il faut adjoindre 4 doctorants bénéficiant de financements CIFRE, ont été impliqués dans près d'une 40^{aine} de programmes de recherche pluriannuels à vocation majoritairement finalisée en 2020, pour la réalisation desquels ils ont joué des rôles de coordinateur, de porteur ou de partenaire. Les chercheurs de l'INRAE (Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement) 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 INRAE de Jouy-en-Josas était laboratoire d'accueil d'un doctorant, Jonathan d'Ambrosio, recruté par le SYSAAF et bénéficiant d'un financement CIFRE pour réaliser sa 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, deux autres doctorants recrutés en 2018 (Ronan Griot) et 2019 (Antoine Jourdan) par le SYSAAF, bénéficiant également de financements CIFRE, réalisent leur thèse respectivement au sein de l'UMR Ifremer Marine Biodiversity Exploitation and Conservation (MARBEC) de Palavas et l'unité Ifremer Santé, Génétique et Microbiologie des Mollusques (SG2M) de la Tremblade.

Enfin, nos interactions avec d'autres équipes de chercheurs du CNRS, du Muséum, du CIRAD, 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. A ce titre, une 4^{ème} salariée bénéficiant également d'un financement CIFRE (Marion Charrier) a été recrutée en 2018 par le SYSAAF et réalise une thèse au sein de l'Unité de Recherche Ethologie animale et humaine (EthoS) du CNRS, hébergée au sein de l'Université de Rennes 1.

Depuis 2017, le SYSAAF est également membre de l'UMT-Bird 3 ; Unité Mixte Technologique constituée avec l'ITAVI, l'INRAE et l'ITAB. Les thématiques de recherche de cette UMT concernent la durabilité et l'acceptabilité sociétale des 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 H2020, au nombre de 4 en 2020,

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 INRAE 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 la Plateforme Fortior-Genetics au sein de l'Unité ANSES de Pathologie Virale des Poissons sur le site de Plouzané pour les challenges pathologiques piscicoles et pour laquelle une ingénieure embauchée en CDI par le SYSAAF est mise à disposition de l'ANSES, la plateforme de spectrométrie SpecGen au sein de l'unité CNRS SIR-ScanMat sur l'Université de Rennes 1 ou là encore un ingénieur a été mis à disposition pour prendre en charge les besoins expérimentaux du SYSAAF. 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, l'ANVOL, le CIP, le CIFOG, le CNPO, l'InterproChasse, le SNA, le Synalaf, le SNPGC ou encore le SENC. Au niveau Européen, le SYSAAF est membre de l'EFFAB (Européen Forum for Farm Animal Breeding), organisation européenne regroupant des entreprises concernées par la biotechnologie de la reproduction et la sélection d'espèces animales domestiques. Le SYSAAF via l'EFFAB, au même titre que les autres adhérents du SYSAAF est également membre de la plateforme européenne FABRE-TP, incluant en outre des organismes de recherche européens. Via FABRE-TP, il nous est possible de contribuer à différentes démarches au niveau de la Commission Européenne, notamment de faire des propositions de priorités scientifiques pour nos secteurs d'activités.

Les résultats acquis dans les programmes de R&D font l'objet de plus d'une 50aine de communications annuellement, sous la forme de présentations lors de journées techniques du SYSAAF, de journées professionnelles et de congrès scientifiques nationaux et internationaux, ainsi que de publications scientifiques et d'articles de vulgarisation. Les objectifs de transfert de mise en application des résultats de la recherche en interne au SYSAAF et/ou chez nos adhérents et/ou partenaires sont atteints via une démarche top-down.


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, la spectrométrie le plus souvent couplée à l'utilisation des technologies d'identification électronique et d'enregistrement automatisé de données, de la numérisation et l'analyses d'images automatisées, ainsi qu'à l'appropriation d'approches et de méthodes nouvelles (puces et panels de génotypage, outils statistiques d'aide à la décision, modélisation, simulation, pack logiciel d'analyse des données génomiques, pipeline bioinformatique, etc...).

Ces activités de recherche et de transfert conduites par le "SYSAAF" relèvent de 2 thématiques finalisées :

- 1- La préservation du patrimoine génétique (T1) et de sa diversité,
- 2- Le développement et l'optimisation d'outils et méthodes de sélection avec pour 1^{er} 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, pour 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 ou identification et mise à disposition de plateaux techniques spécialisés ou plateformes internalisés et/ou externalisés.

En raison du nombre d'espèces et de la spécificité des objectifs de sélection, les activités de recherche-développement conduites par le SYSAAF en 2020 sont plus que jamais diverses puisque leur réalisation s'inscrit dans près d'une 50aine de programmes qui sont présentés dans le présent document selon 3 axes (Axes 1, 2A et B, et 3) correspondant aux objectifs opérationnels de la liste ci-dessus. En raison de leur nombre, il nous est difficile d'en faire une présentation exhaustive, mais des compléments peuvent être accessibles sur le site internet du SYSAAF, ou les sites internet dédiés de certains programmes. Ces programmes de recherche peuvent selon les cas être réalisés en conditions contrôlées dans les unités expérimentales des organismes de recherche ou en conditions de production commerciale chez nos adhérents dans le cadre de collaborations, ou encore en interne au sein du SYSAAF. Les programmes de recherche peuvent être réalisés sur fonds propres (SYSAAF et/ou adhérents partenaires) et/ou bénéficier de financements publics. Ceux-ci sont identifiés dans le texte par leur acronyme et la liste est rapportée en annexe (Annexe 4).

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, précités. Dans ce contexte, les sélectionneurs peuvent ainsi bénéficier de conseils avisés pour la domestication de nouvelles espèces, la mise en place de schémas de sélection de nouvelles populations, la sélection 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 la mise en place 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 phénotypiques après avoir effectué des opérations de contrôle élémentaire **(1, 2 & 3)**,
- Contrôler la qualité des fichiers de l'échantillonnage des prélèvements de sang ou tissus transmis aux laboratoires de génotypage **(2 & 3)**,
- Contrôler la qualité des fichiers de retour des assignations de parenté ou des génotypages des laboratoires d'analyse **(1, 2 & 3)**,
- Estimer les valeurs génétiques des candidats à la sélection en utilisant différents modèles (BLUP, GBLUP, VCE, TM, modèles à seuil...) en fonction de la nature des caractères à traiter (Continus, discrets) **(3)**,
- Proposer ou valider des troncatures de sélection successives **(1 & 2)**,
- Calculer des index phénotypiques normalisés **(1 & 2)**,
- Estimer les paramètres génétiques ou génomiques **(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 16 : 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 2020, ce sont 13 entreprises avicoles et 20 aquacoles qui ont fait appel à ce service, pour un total de 118 lignées (88 avicoles [dont 22 de races locales et plus de 50% d'espèces Gallus], 30 aquacoles) de 25 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 18 mois chez les crevettes. En raison du nombre de lignées et de l'obligation de faire des tris associés à des choix successifs, des analyses de données sont donc réalisées en continu et ce sont près de 300 sessions de traitements qui ont été réalisées en 2020. Dans le secteur avicole, les 88 lignées se répartissent en 4 catégories correspondant aux conditions de facturation. Il est intéressant de constater que si la catégorie A était majoritaire jusqu'en 2014, la catégorie B l'est maintenant en représentant 44%, alors que la catégorie C-D représente 26%. Une tendance qui s'accroît progressivement et qui illustre la complexification du besoin d'expertise sollicité auprès des agents du SYSAAF ; les catégories B, C et D correspondant graduellement à des traitements plus complexes et plus chronophages. Le nombre moyen de sessions par lignée avicole est de 3 et compris entre 1 et 5 ; nombre correspondant à autant de stades de choix-sélection de candidats en tant que futurs reproducteurs. Compte tenu du nombre de lignées sélectionnées, des espèces variées et des cycles appliqués, une planification préalable rigoureuse est nécessaire pour s'assurer de la disponibilité des agents du SYSAAF.

Au-delà de la planification, même si nous entendons bien que les aléas puissent être nombreux, 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 18 sessions réalisées en 2019 concernent 12 lignées en sélection généalogique avec utilisation du BLUP ou le GBLUP en sélection génomique pour 9 d'entre elles. D'autres lignées ont fait l'objet de choix pour une sélection massale assistée par assignation de parenté (5) ou sans assignation de parenté (8). 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, et dans quelques cas avicoles.



Si les adhérents le souhaitent, des bilans des programmes de sélection sont également réalisés annuellement avec les adhérents. C'est une opportunité d'échanges pour les collaborateurs du SYSAAF et c'est souvent aussi à cette occasion qu'émerge des idées pour optimiser l'organisation des schémas 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-sélection de 22 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 européens dans le cadre du 2nd pilier de la PAC (Politique Agricole Commune). La démarche initiée permet de mettre progressivement 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 via les Régions si elles ont par ailleurs inscrit cette mesure dans leur PDR (Plan de développement Régional). La mise en œuvre de la PRM-A apparaît aujourd'hui encore problématique au sein de la plupart des Régions, y compris pour celles qui ont activées la mesure dans leur PDR. Cette mesure est perçue comme anecdotique aux services administratifs régionaux et certaines Régions préfèrent même lui substituer une aide directe. C'est aussi dans ce contexte que divers collectifs de races soumettent des projets au niveau régional (Normandie, Haut de France, Grand-Est, Pays de la Loire, Aquitaine) et sollicite le SYSAAF pour des collaborations en lien avec les conservatoires régionaux (BioDom-Centre, CREGENE, CRAPAL, CRAN, CR des Races Bretonnes, CRRG Haut de France [ENRX]).

Par ailleurs, en s'inspirant de la démarche mise en œuvre pour les productions "Label-Rouge" de volailles, le SYSAAF peut transmettre sur demande des certificats de conformité au Référentiel RefAvi-SYSAAF version 2014 après audit afin que les races, susceptibles d'être éligible à cette mesure, puissent en bénéficier. Les associations de races doivent pour cela être en capacité 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 qui étaient applicables aux lignées à diffusion limitée dans le Référentiel RefAvi-SYSAAF version 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.

3-1-3 Cryopréservation de ressources biologiques avicoles et aquicoles

Le SYSAAF est impliqué depuis 2014 dans le programme CRB-Anim qui a pour objectif d'intégrer et de renforcer les Centres de Ressources Biologiques (CRB) conservant du matériel reproductif et du matériel génomique pour les espèces d'animaux domestiques élevées en France, c.à.d. d'espèces de mammifères, oiseaux, poissons et coquillages. Dans le cadre de ce projet, le SYSAAF est en charge de coordonner les activités de la cryobanque aquicole et gérer la collecte et la congélation d'échantillons approvisionnant les sites primaire et secondaire de la cryobanque avicole nationale, dans le cadre d'une prestation pour l'INRAE. En fin d'année 2020, pour simplifier et homogénéiser les modalités de gestion des sites secondaires de la Cryobanque Nationale aviaire, la gestion de la cryoconservation des espèces avicoles a été transférée du SYSAAF à l'unité PRC de l'INRAE de Nouzilly.

Le SYSAAF reste cependant fortement impliqué dans l'évolution des techniques et les tests terrains nécessaires à leur mise au point. Il est en particulier nécessaire de qualifier expérimentalement la qualité des semences avant cryopréservation et sa fécondance après décongélation pour vérifier que la procédure est efficiente. Dans ce contexte, des tests expérimentaux de fertilité avec de la semence congelée/décongelée ont été effectués avec deux cryoprotecteurs : le glycérol (Gly) dont le retrait est nécessaire lors de la décongélation car cette substance est toxique pour les spermatozoïdes et le DMF (Dyméthyl-formamide) non toxique pour les cellules germinales.

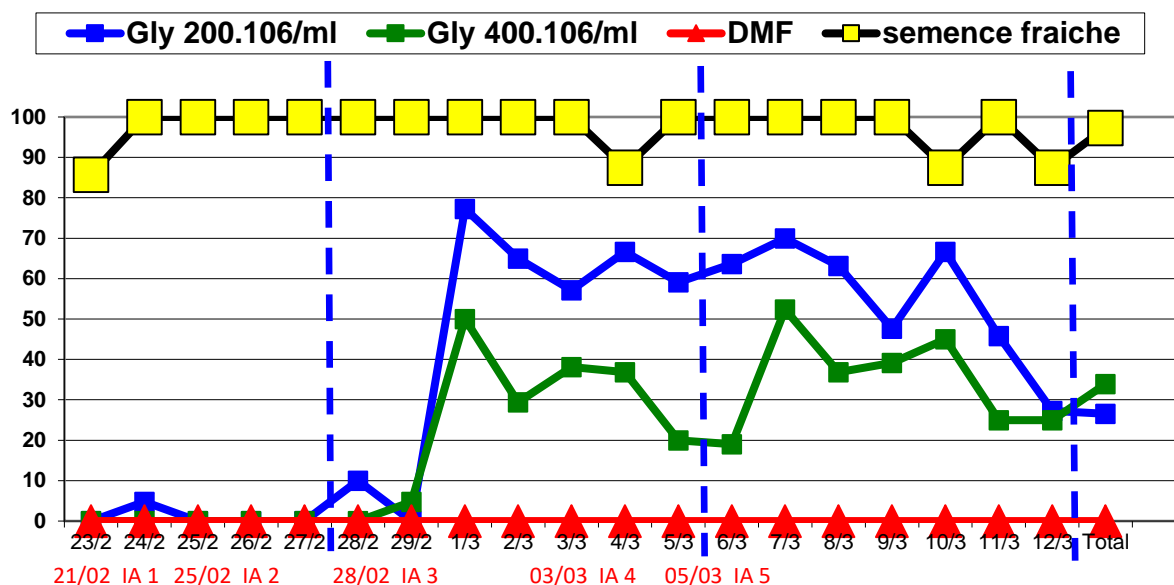


Figure 17: Test de fertilité de la semence congelée/décongelée des coqs T44 avec les cryoprotecteurs glycérol vs DMF (Gly : Glycérol)

Les résultats (Figure 17) des tests de fertilité montrent que les taux de fertilité avec de la semence fraîche avoisinent les 100% dès la première IA, prouvant que l'acte d'insémination est bien réalisé.

Aucun œuf fertile n'a été constaté pour les inséminations réalisées avec le cryo-protecteur DMF, aussi le protocole de congélation avec ce cryo-protecteur est à revoir.

Avec le cryo-protecteur glycérol que ce soit avec la concentration de 200 ou 400 millions de spz/ml des œufs fertiles ont été observés seulement après la 3^{ème} IA. Ainsi il semblerait que plusieurs IA successives soient nécessaires pour être sûr d'obtenir des œufs fécondés. Les taux de fertilité dépassent les 60 % avec une concentration de 200 millions de spz/ml et sont de 40% avec la dose de 400 millions de spz/ml. Ces résultats vont dans le sens de l'article de Thélie et al., 2019, où des taux de fertilités meilleurs sont obtenus avec une concentration de 200 millions de spz/ml. Ces résultats de fertilité meilleure que précédemment restent toutefois inférieurs à ceux obtenus par Thélie A. et al., 2019.

Concernant les espèces aquacoles, le SYSAAF continue de coordonner la congélation de paillettes de semences d'espèces aquacoles pour la Cryobanque Nationale dans le cadre du projet CRB Anim. 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'INRAE, et le GIS Cryobanque Nationale

Le SYSAAF coordonne la congélation de ressources génétiques aquacoles "privées" propriétés des entreprises de sélection à la cryobanque des espèces aquacoles CryoAqua opérée par Evolution (St Aubin du Cormier, 35) en animant la convention liant Evolution, l'INRAE, l'Ifremer et la Cryobanque Nationale. A ce titre des semences de truite, de bar et de daurade et d'huître creuse ont été congelées en 2020.

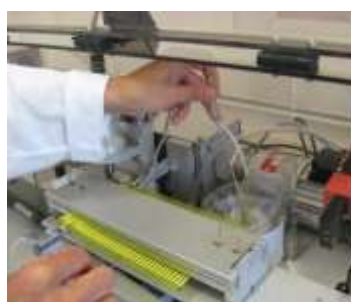


Figure18 Cryobanque des espèces aquacoles CryoAqua hébergée par Evolution (St Aubin du Cormier, 35).

Dans le cadre du projet FEAMP Biogerm, une optimisation des conditions de congélation des spermes de truite en congélateur programmable Digitcool a été initiée en partenariat avec la société IMV et l'INRAE avec comparaison de différents milieux et en congélation sur radeau retenue antérieurement car plus adaptée à des congélations en pisciculture. Les milieux contenaient des cryoprotecteurs différents à base de DMSO méthanol.

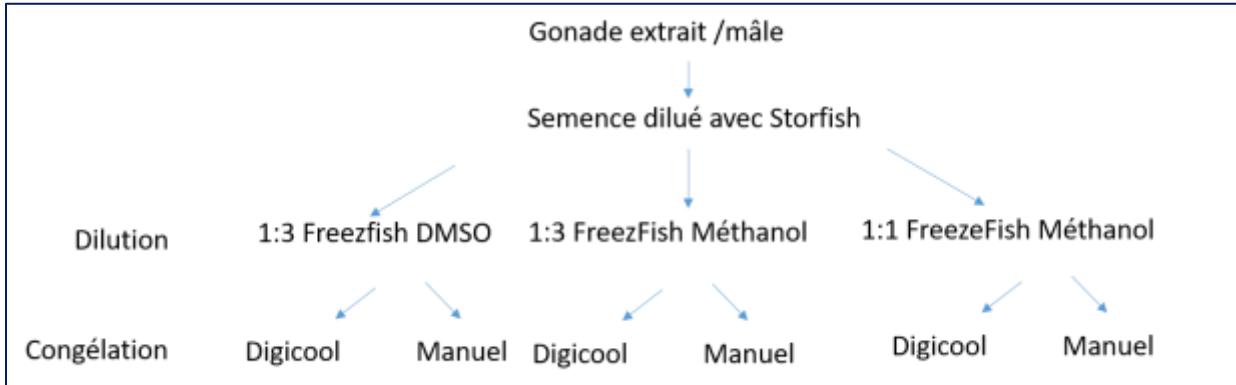


Figure 19 : Protocole de comparaison des facteurs « milieux » et « méthodes » en Digitcool ou sur radeau. Les courbes de congélation retenues sont représentées ci-dessous

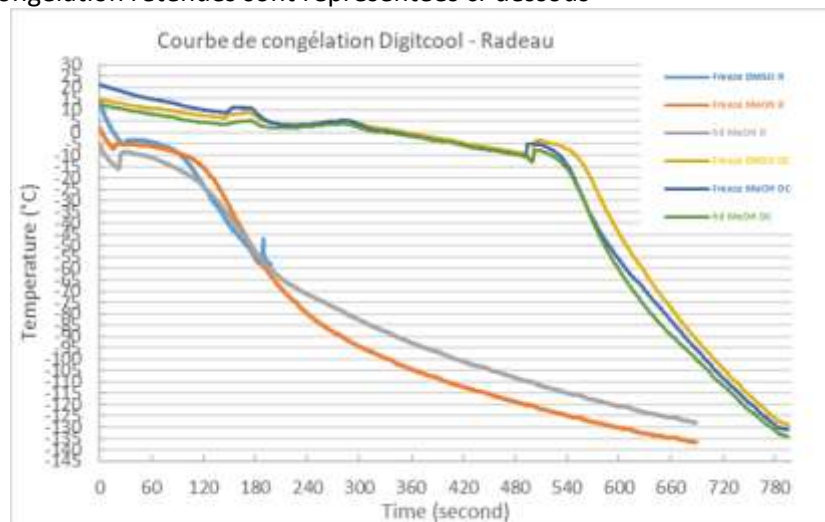


Figure 20 : Courbes de rapidité de descente en température en congélation sur radeau (R) ou en congélateur programmable Digitcool (DC).

Les premiers essais de décongélation ont conclu à une efficacité similaire ou meilleure de la congélation en Digitcool avec une cristallisation à température plus basse et plateau plus court qu'en radeau. La congélation en Digitcool le digitcool semble raccourcir le temps du plateau pendant la phase exothermique avec une descente est plus rapide après le plateau. Le milieu commercial FreezeFish complété de DMSO présente une motilité à la décongélation supérieure alors que le même milieu complété en >Méthanol présente lui une meilleure conservation des motilités au cours du temps post décongélation.

Dans le cadre du projet CRB Anim détaillé pour les espèces avicoles, le SYSAAF a coordonné la congélation de 30 mâles d'une lignée de maigre *Argyrosomus regius* le 11/03/2020 et de 50 mâles d'une lignées d'huître creuse *Crassostrea gigas* à raison lignée et le 26/02/2020. Pour les deux espèces, le nombre de paillettes congelées variait de 20 à 25 par mâles.

3-2 Recherche de nouvelles méthodes de phénotypage bas et haut-débit et/ou optimisation pour quantifier des caractères d'intérêt

(Thématique 2, Objectif opérationnel 3)

3-2-1 Objectifs du projet

Dans une démarche à long terme, les entreprises de sélection investissent pour adapter leurs produits aux attentes du marché, des consommateurs et des citoyens. Anticiper ces attentes est l'une des conditions d'adaptation et de compétitivité des entreprises face à la concurrence internationale. Une des missions 1ères du SYSAAF est de leurs apporter un appui technique qui contribuera à atteindre cet objectif. Si les caractères de production, tels la croissance, les rendements, les performances de reproduction, la consommation alimentaire, etc... figurent toujours parmi les priorités de la majorité des filières de production animale, la prise en compte de nouveaux caractères, le développement de nouvelles méthodes de phénotypages, l'estimation des gains potentiels par estimation des paramètres génétiques (héritabilité, corrélations génétiques avec d'autres caractères de production) ou encore la mise au point de méthodes de mesures individuelles et automatisables (phénotypage) constituent aujourd'hui des objectifs incontournables.

Dans ce but, le SYSAAF s'implique dans de nombreux programmes de recherche visant à développer, tester et valider de nouvelles méthodes de phénotypage pour des caractères d'intérêt dont nous estimons les paramètres génétiques. Ces développements sont généralement réalisés dans le cadre de programmes d'expérimentations ciblés car ils requièrent le recours à 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 précompétitifs 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 difficile à quantifier comme la robustesse, la résilience, ou le bien-être a d'autant plus d'intérêt lors d'une utilisation en sélection génomique.

Seuls les développements de méthodes de phénotypages initiés, en cours de réalisation ou validés en 2020 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 sont 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. Ainsi, sont synthétisés dans ce chapitre, les travaux sur la mesure de la teneur en glycogène chez l'huitre (QualityHuitre) ainsi que les travaux relatifs à la mesure du rendement et de la morphologie, et à la détermination du sexe, les travaux sur la mesure de la résistance aux maladies de la palourde (Vivaldi, Resipal), ceux sur la résistance aux maladies sur différents poissons (travaux dans le cadre de la plateforme Fortior), sur la composition en acide gras et la répartition des lipides dans la chair chez la truite (Omegatruite) ou encore des travaux de mesures de l'efficacité alimentaire chez le bar et la daurade (Performfish, Aqualmpact, Selfie). Enfin, une attention nouvelle est portée sur la détermination de critères de robustesse de la truite face à des changements physicochimiques de son milieu (HypoTemp).

Concernant les espèces avicoles, plusieurs méthodes de phénotypages sont également à divers stades de développement, de validation ou de transfert et de mise en œuvre par le SYSAAF et concerne les caractères prédictifs de la qualité du sperme et du potentiel reproductif du sperme frais ou après cryopréservation (CRB-Anim & Fertimâle), l'identification d'indicateurs de la qualité du poussin (Chick'Tip) et du développement embryonnaire (ChemPredict). Pour les gibiers à plumes, l'impact de mécanismes épigénétiques sur les phénotypes comportementaux pouvant favoriser l'adaptation à l'environnement et la survie fait l'objet d'expérimentations dans le cadre du projet GibAdapt chez la caille japonaise et la perdrix rouge.

Enfin, concernant les espèces entomocoques, l'année 2020 aura été, dans le domaine du phénotypage, l'occasion de discussions avec les adhérents sur les caractères d'intérêts et sur l'adaptation de méthodes à la situation particulière du cycle de vie de la mouche soldat noire ou des spécificités biologiques de cet animal. Quelques pré-tests ont pu être menés sur différents critères potentiellement d'intérêt.

3-2-2 Etat de l'art, aléas, incertitudes scientifiques, verrous technologiques, démarche expérimentale, travaux de recherche réalisés

3-2-2-1 Phénotypage de la teneur en glycogène de la chair chez l'huître creuse par NIR

La mise au point de méthodes de phénotypage de la composition de la chair d'huître creuse et du sexe ont été continuées dans le cadre du projet QualityHuître soutenu par le FEAMP. Ces mises au point combinent des analyses morphométriques externes mais aussi des mesures internes réalisées par IRM pour quantifier le rapport gonado-somatique, ainsi que par spectrométrie vibrationnelle par NIR pour estimer les taux de protéines, lipides et de glycogène. En 2020, des expérimentations ont été conduites en spectroscopie NIR sur des échantillons de broyats d'huîtres destinés à la calibration (n = 125) et de phénotypage (n = 1172). Les analyses sur les échantillons de calibration ont été réalisées dans le cadre du stage de Elias Hermance (Master 1 Biologie Moléculaire et Cellulaire – Université de Rennes 1). Ce travail, réalisé en partenariat avec la plateforme SIR-ScanMat de l'Université de Rennes 1, a permis d'obtenir les premiers calculs d'équation de calibration par méthode chimiométrique pour la prédiction des protéines et des lipides. Des huîtres creuses de différentes origines géographiques (Cancalle, Vendée et Fine de Claire de Cancalle) et de différents poids de chair (5,5 à 17,5 g) ont été collectées et conservées à -20°C ou -80°C avant décongélation et homogénéisation par broyage. Les spectres NIR ont été acquis de 10 000 et 4 000 cm⁻¹ avec une résolution de 8 cm⁻¹ et 8 balayages (Spectrum TwoNTM, Perkin Elmer) en mode réflexion. Seuls les résultats concernant la mise en place des mesures avec le NIR sont présentés dans ce rapport. Deux équations de calibration ont pu être établies entre les teneurs en lipides et en protéines, et les valeurs en NIR.

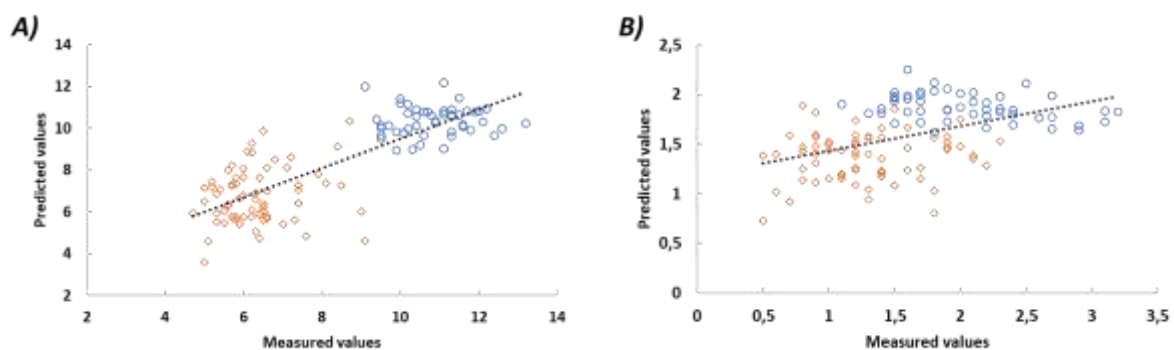


Figure 21 : Droites de régression sur les valeurs prédites en utilisant les spectres Raman, comparées aux valeurs mesurées, pour la prédiction des protéines (A) et des lipides (B).

Les valeurs R² donnent des indications de performance de la prédiction des caractères sont moyennement satisfaisants pour la prédiction des protéines et des lipides (0,69 et 0,20 respectivement). Il a été émis l'hypothèse que l'eau au sein des échantillons pose problème quant à la bonne performance de prédiction des protéines et lipides. Il est ainsi prévu d'effectuer des expérimentations supplémentaires de lyophilisation, ayant pour objectif de s'affranchir de l'hydratation des échantillons.

3-2-2-2 - Phénotypage de performances de rendement en chair chez l'huître creuse par IRM

Concernant la prédiction du taux de remplissage par IRM, divers animaux des entreprises de sélection de la SATMAR (Barfleur, 50) et de Vendée Naissain (Bouin, 44) ont d'abord été mesurés en IRM au laboratoire de l'équipe IRM-Food de l'ex. IRSTEA (Rennes) pour standardisation de l'obtention des images et adaptation des chaînes de traitements informatiques. Un chantier de collecte de 1 222 collatéraux d'une cohorte de 700 familles (7 factoriels complets de 10♂ x 10♀) du programme de sélection de l'entreprise Vendée Naissain avait été réalisé au sein de l'entreprise de sélection en collaboration avec des chercheurs d'Iframer. Outre les mesures individuelles du poids total, de chacune des valves et de la chair pour estimer le rendement en

chair, différentes hauteurs, longueurs ou largeurs ont aussi été mesurées. Les données ont été collectées dans le système de base de données InfAqua. Parallèlement, chaque huître a été prise en photo pour réaliser ultérieurement une analyse bidimensionnelle de la couleur et de l'ornementation de la coquille et du manteau. Des échantillons de branchies de ces animaux ont été collectés et génotypés sur puce 57 000 SNP en fin d'année 2019 pour estimation des paramètres génétique (héritabilité et corrélations génétiques), étude de l'architecture génétique des caractères (GWAS) et évaluation de la faisabilité d'une sélection génomique sur ces caractères de qualité.

Ces animaux ont été transportés à Rennes pour une saisie de 192 images en IRM Flash 3D pondérée en T1 avec TR=11ms TE=2.98ms, FOV=480mm, Matrice=640, Acc=2, Epaisseur=1.5, Nb coupes=192, BP=240Hz/px (décalage eau/graisse=0.9 px) et Flip=20°.

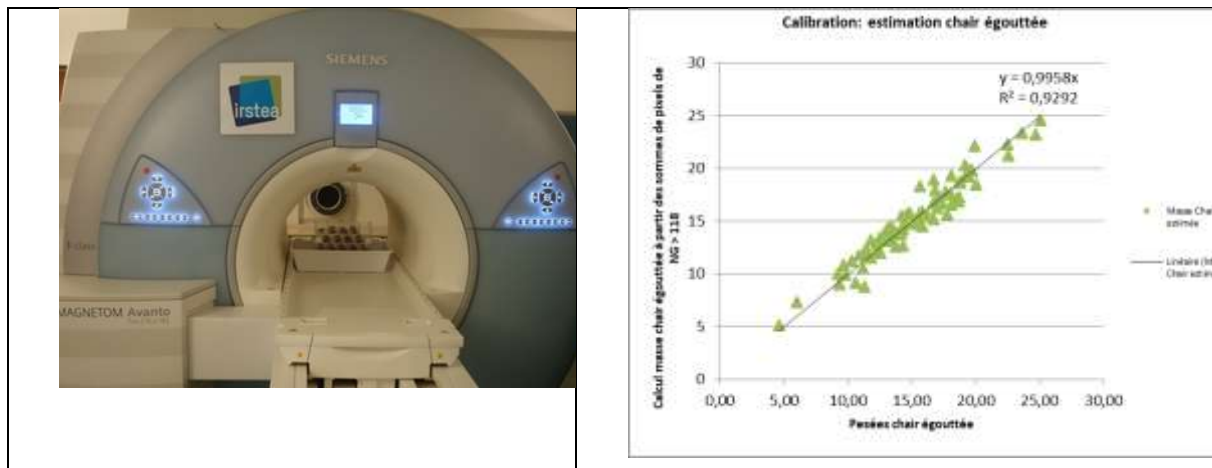


Figure 22 : Appareil d'IRM utilisé à l'IRSTEA et corrélation phénotypique entre le poids de chair égoutté et sa prédiction en IRM.

Dans ces conditions de mesure, le voxel (unité de volume) a une résolution de 0.75mm² dans le plan pour une épaisseur de 1.5mm et le temps d'acquisition est de 45mn pour 40 huîtres. Les huîtres sont disposées sur un dispositif à 5 plateaux séparés par des entretoises de 5 cm, chaque plateau contenant 8 huîtres. La masse de chair égoutté est prédite avec un coefficient R² de 0.93 avec une erreur-type de 1,02 g pour une masse moyenne de chair égoutté du lot est de 15,26g.

3-2-2-3 Phénotypage de la morphologie externe chez l'huître

La mise au point et l'étude phénotypique de la morphologie externe des huîtres creuses a été initiée par l'étudiant en thèse CIFRE Antoine Jourdan dans le cadre du projet FEAMP QualityHuître sur les animaux collectés en 2020 dans l'entreprise Vendée Naissain.

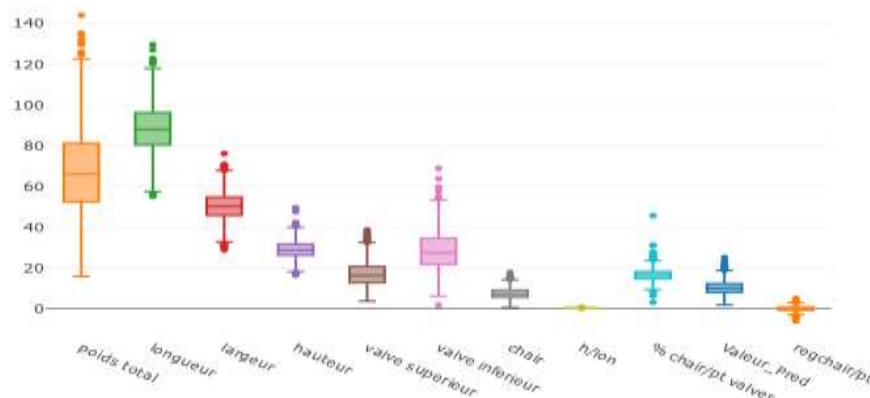


Figure 23 : Les performances moyennes des individus.

A partir des photos réalisées en 2020 sur ces individus différentes autres approches ont été tentées afin de caractériser plus finement les différences de morphologie. Une des difficultés consiste à définir et à classer les différents phénotypes observés.

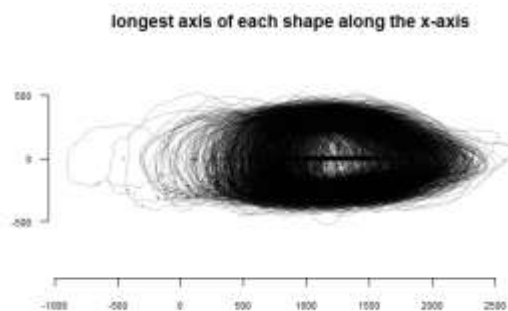


Figure 24 : Photo 2D d'une valve supérieure et de l'intérieur de l'animal et exemple de variabilité de contour entre individus.

Une approche originale a été d'évaluer la possibilité de définir de façon automatisée les différentes morphologies par étude des harmoniques. Si 12 harmoniques permettent de capter 99 % de la variabilité individuelle, 5 harmoniques suffisent à capter 90 % de celle-ci. Avec 5 harmoniques, 24 et 35 %, soit 60 % des différences sont captées selon les deux principaux axes de variation permettant de rattacher ainsi de façon automatisée des individus à des morphotypes.

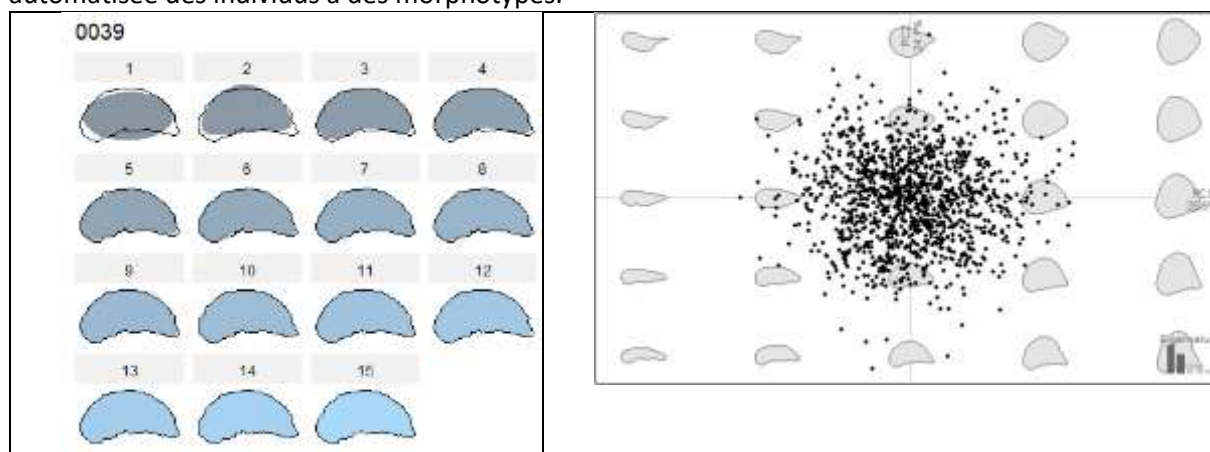


Figure 25 : Définition du nombre d'harmoniques nécessaires (gauche), Projection en ACP des différents phénotypes (droite).

Tableau 5: Corrélations génétiques entre caractère selon un modèle multicaractère

	Length	Width	Height	Height Length	Meat w	Shell w	Yield
Total weight	0.86 [0.0]	0.80 [0.0]	0.88 [0.0]	0.07 [0.1]	0.91 [0.0]	0.98 [0.0]	0.25 [0.1]
Length		0.61 [0.1]	0.57 [0.1]	-0.43 [0.1]	0.82 [0.0]	0.86 [0.0]	0.32 [0.1]
Width			0.60 [0.1]	0.02 [0.1]	0.71 [0.0]	0.77 [0.0]	-0.12 [0.1]
Height				0.50 [0.1]	0.79 [0.0]	0.86 [0.0]	0.19 [0.1]
Height / Length					0.01 [0.1]	0.03 [0.1]	-0.12 [0.1]
Meat weight						0.86 [0.0]	0.62 [0.1]
Shell weight							0.15 [0.1]

3-2-2-4 Phénotypage de sexe chez l'huître creuse par IRM

La détermination du sexe des animaux est une étape cruciale pour la bonne gestion de programme de sélection et de la variabilité génétique. Les croisements à effectuer sont conditionnés par le sexe des candidats à reproduire. Le sexage des huitres présente une contrainte majeure : étant un bivalve, il est difficile d'accéder à la gonade pour constater le sexe du fait de la présence de la coquille. La solution la plus simple est d'ouvrir les huitres à reproduire pour les sexer, mais une huitre ouverte ne peut survivre plus de quelques jours, au mieux. De plus, très peu de littérature existe sur l'effet du sexe des animaux sur les paramètres de production. C'est pourquoi, dans le projet Quality-Huitre, une tâche de sexage non invasif et de mesure de paramètres de production de ces animaux a été menée. L'IRM permet une détermination non invasive du sexe en suivant un protocole breveté (n°0413097, Pouvreau *et al.* 2006). Cependant, cette technique n'avait jamais été utilisée sur un grand nombre d'animaux provenant d'une écloserie commerciale, à des fins de production. Cette tâche est menée par une équipe de l'INRAE (ex-IRSTEA), le SYSAAF et la SATMAR.

En 2020, une première phase de calibration en aveugle a été effectuée : 75 huitres ont été passées à l'IRM et sexées avec ces données. Puis, ces huitres ont été ouvertes pour constater directement le sexe. 98.6% des sexes déterminés à l'IRM étaient cohérents avec les sexes constatés à l'ouverture. La seule huitre discordante avait été classée comme « incertaine » à l'IRM et était en fait un mâle peu mature, dont la gonade était difficile à déceler sur les images IRM.

Suite à cette calibration, 1500 huitres mises à disposition par la SATMAR ont été passées en IRM et sexées.

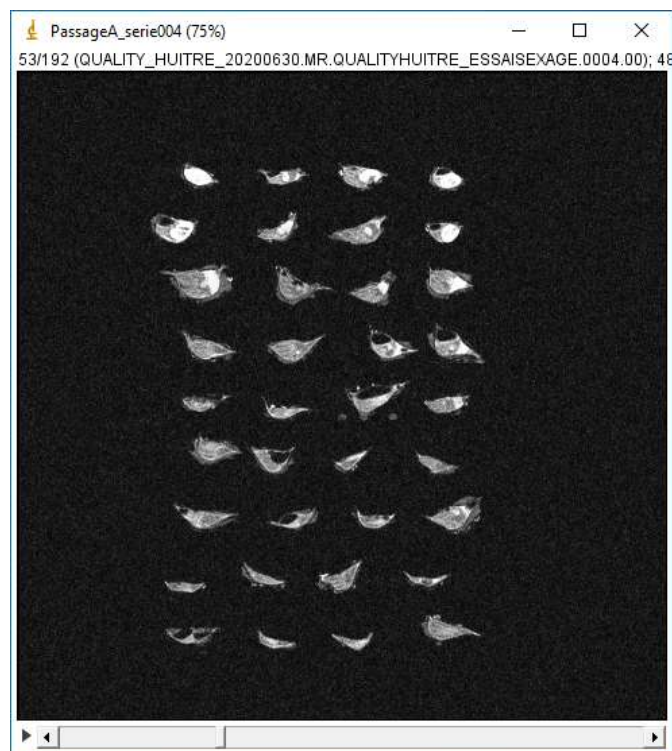


Figure 26 : Image IRM d'huîtres creuses

Ces animaux ont ensuite été marqués par transpondeur électronique et remis sur parc jusqu'à résorption des gonades et mesures en condition de production (non mature), en novembre. Le poids total, le poids de chair, les longueurs, largeurs et épaisseurs des animaux et le sexe des animaux ont été mesurés sur 1200 huitres. Une photo de la valve supérieure et de l'huitre ouverte a été prise pour chaque animal. Un prélèvement de branchie a également été effectué pour génotypage sur la puce génomique ThermoFisher huitres creuse et plate.

Sur les 1542 animaux au total, 525 (34%) ont été sexés comme mâles, 985 (63,9%) comme femelles, dont 229 (14,9%) sexés mâles ou femelles mais avec incertitude, et 32 (2,1%) comme indéterminés. Les analyses de ces résultats seront effectuées en 2021 dans le cadre de la thèse Cifre co-encadrée par le SYSAAF et l'Ifremer sur le projet Quality-Huitre.

En conclusion, cette méthode de sexage non létale peut être utilisée en routine par les entreprises de sélection pour sexer avec succès de l'ordre de 98 % des candidats.

3-2-2-5 Phénotypage de performances qualitatives et de résistance à deux pathologies chez la palourde européenne

Les résultats acquis en 2018 et 2019 dans des projets européens H2020 VIVALDI et RESIPAL (FEAMP) chez la palourde japonaise *Ruditapes philippinarum* ont été publiés sur l'estimation de l'héritabilité des caractères de production, de morphologie et résistance à un parasite *Perkinsus olseni* (Smits *et al.*, 2020)¹.

Pour rappel une cohorte de 1479 familles avait été produite par ponte en masse selon 2 factoriels complets (25♂ x 31♀ et 32♂ x 22♀). Après un élevage sur un site situé à Marennes d'Oléron, des échantillons de cette cohorte avait été envoyés en élevage :

1. ⁶ Smits, M., Enez, F., Ferraresso, S., Dalla Rovere, G., Vétois, E., Auvray, J-F., Genestout, L., Mahla, R., Arcangeli, G., Paillard, C., Haffray, P., Bargelloni, L., 2020. Potential for genetic improvement of resistance to *Perkinsus olseni* in the manilla clam *Ruditaped Philippinarum*, using DNA-parentage assignment and mass spawning. *Front. Vet. Sci.* doi: 10.3389/fvets.2020.579840

- Sur 3 sites en Italie à Chioggia (suivis par l'Université de Padoue) et 2 sites en France (Marennes Oléron et Iles Chausey) pour évaluer la variabilité génétique additive à la résistance à deux pathogènes *Vibrio tapetis* (en France) et au parasite *Perkinsus* (Italie) et des caractères de production et qualitatifs (Programme VIVALDI)

- Ou subdivisé en 2 groupes et élevés à Marennes d'Oléron, pour sélectionner des reproducteurs les moins contaminés et étudier la réponse à la sélection sur descendants

Quatre chantiers de phénotypage ont été conduits sur 3 434 palourdes pour réaliser des mesures individuelles de caractères de production et de qualité tels que les poids totaux, de la chair et de tissus tels que les branchies, le volume de fluide extra-palléal, les épaisseurs, les largeurs, les hauteurs. Par ailleurs, des prélèvements de tissus ont été réalisés pour en extraire l'ADN à des fins d'assignation de parenté par génotypage (marqueurs SNP). Les données ont été enregistrées dans le système de base de données InfAqua développé au SYSAAF. Les paramètres génétiques ont été estimés par le SYSAAF en 2019, avec la participation d'une étudiante en thèse, après établissement des pedigrees.

Tableau 6 : Héritabilités des différents caractères.

TRAIT	CHIOGGIA h^2 (n=246)	MARENNES h^2 (n=595)	CORRELATION $R_{q_{site}}$ (n=841)
Total weight	0.23 [0.11]	0.46 [0.11]	0.54 [0.26]
Shell length	0.29 [0.13]	0.42 [0.1]	0.67 [0.21]
Shell height	0.25 [0.13]	0.41 [0.11]	0.62 [0.67]
Shell width	0.3 [0.12]	0.39 [0.1]	0.51 [0.43]
Shell weight	0.35 [0.13]	0.51 [0.11]	0.66 [0.42]
Tissue weight	0.19 [0.1]	0.33 [0.1]	0.04 [0.36]
Tissue yield	0.18 [0.08]	0.29 [0.1]	0.30 [1.87]
Gill weight	0.2 [0.11]	NA	NA
Sex	0.42 [0.19]	NA	NA
Parasite load	0.52 [0.22]	NA	NA

Les héritabilités sont moyennes dans le lot élevé à Marennes et 30 à 50 % moins élevées dans le lot placé à Chioggia en Italie, avec des corrélations entre sites intermédiaires. Sur la base de ces résultats, une sélection sur la croissance en France serait la méthode la plus efficace compte tenu des héritabilités plus élevées. Cependant le nombre limité d'individus assignés en Italie ne permet pas de conclure sur cette hypothèse car cet effectif limité a pu limiter les corrélations génétiques ainsi que les estimations d'héritabilités.

D'une façon globale, ce travail réalisé au SYSAAF a permis de montrer l'intérêt d'une ponte en masse chez cette espèce (une première chez les mollusques) ainsi que la faisabilité et l'efficacité d'une sélection massale ou familiale sur apparenté. En particulier, l'héritabilité élevée du portage à *Perkinsus olseni* (0,52) s'avère encourageante pour envisager une réduction du portage à ce parasite et donc potentiellement une amélioration de sa productivité.

3-2-2-6 Phénotypage de la composition et la concentration en acides gras polyinsaturés chez la truite par spectrométrie Raman

Le SYSAAF a initié le programme de recherche Oméga-Truite (AAP FEAMP 2018) en partenariat avec l'INRAE, le CNRS et Les Sources de l'Avance, une entreprise adhérente, pour développer des équations de prédictions des taux d'acides gras dans les adipocytes de truite et pour estimer ensuite les paramètres génétiques de la composition en acides gras, ainsi que les corrélations génétiques avec les caractères de production et de découpe (rendement éviscération, rendement au filetage et parage) et de qualité de la chair (couleur de la chair estimée par vision numérique, teneur en lipides estimée par IRM).

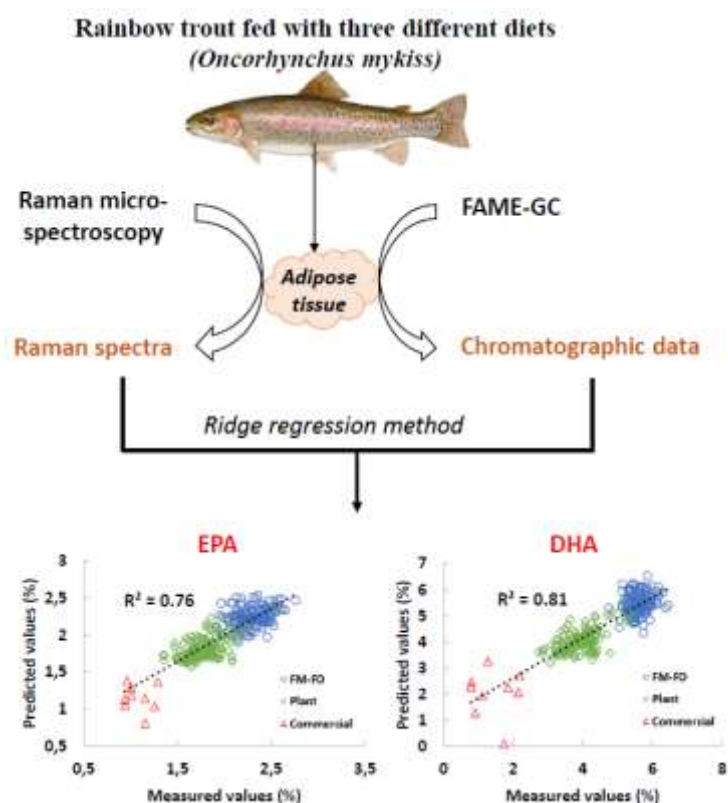


Figure 27: Présentation synthétique du protocole de calibration de la mesure indirecte des acides gras dans les adipocytes de truite

Le principe de la calibration de l'évaluation de la concentration en acides gras dans le gras viscéral de truite par spectrométrie de diffusion Raman avait été présenté en 2018 (Projet FEAMP Oméga-Truite)

A



B

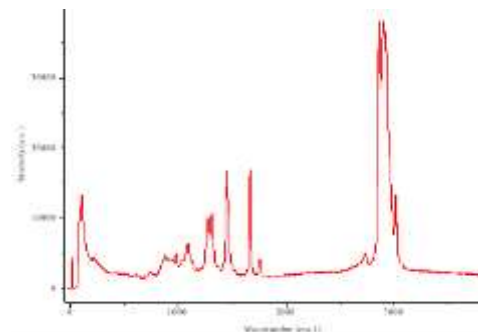


Figure 28: A) Raman HR 800 (Horiba scientifique) à laser LED 785 équipé d'un détecteur CCD refroidi à -40°C et contrôlé par le logiciel LabSpec6 (Plateforme SIR-ScanMat, CNRS-Université Rennes 1) en saisie de spectre sur du gras de truite. B) Spectre de diffusion Raman sur du gras de truite.

Les 8 et 9 juillet 2020, un chantier complémentaire a été réalisé sur une trentaine de truites arc-en-ciel sur la pisciculture de Belin-Béliet (Aqualande), afin d'compléter la calibration. Des échantillons de gras viscéral ont été prélevés et analysés par la suite en spectroscopie Raman. Les résultats obtenus feront l'objet d'une publication scientifique afin de comparer l'ancienne et la nouvelle calibration.

Suite aux travaux conduits en 2018, 2019 et 2020, une calibration a été retenue avec les caractéristiques de prédiction (R^2) suivantes.

Tableau 7 : caractéristiques de prédiction

Nom AG	R2_c2c	Correlati- contrô
AG_n3	0,66	0,76
AG_n6	0,83	0,94
AGMono	0,75	0,99
AGPI	0,79	0,76
AGSat	0,42	0,88
EPA_DHA	0,82	0,93
LipidesTtx	0,05	0,49
Rapport_n6.n3	0,55	0,90
Unsaturation.index	0,80	0,15

Nom AG	R2_c2c	Corre- con
Acide oléique	C18_1_n9c	
Acide linoléique LA	C18_2_n6c	0,84
Alpha-linolénique ALA	C18_3_n3	0,82
Gamma-linolénique GLA	C18_3_n6	0,48
Morocétique	C18_4_n3	0,004
Homolinoléique	C20_2_n6c	0,03
	C20_3_n3c	0,21
Dihomo-gamma-linolénique DGLA	C20_3_n6c	0,0003
Arachidonique ARA	C20_4_n6c	0,61
Eicosapentaénoïque EPA	C20_5_n3c	0,76
Docosapentaénoïque DPA	C22_5_n3c	0,33
Docosahexaénoïque DHA	C22_6_n3c	0,81

Nom AG	R2_c2c	Correlati- contrô
C14_0	0,70	0,97
C15_0	0,70	0,95
C16_0	0,63	0,93
C16_1	0,59	-0,17
C16_1_n7c	0,58	0,99
C17_0	0,75	0,95
C18_0	0,44	0,96
C18_1	0,84	0,99
C20_0	0,31	0,63
C20_1	0,40	0,68

Une publication sur la mise au point de cette calibration a été préparée pour soumission en 2021 (Prado *et al.*, submitted)7.

Les héritabilités des prédicteurs ont été estimées sur 1 409 truites d'un lot de collatéraux de l'entreprise de sélection Les sources de l'Avance découpées en 2018 et génotypées en 2019 sur puce Axiom Trout Genotyping Array (384) à 57 000 marqueurs SNP.

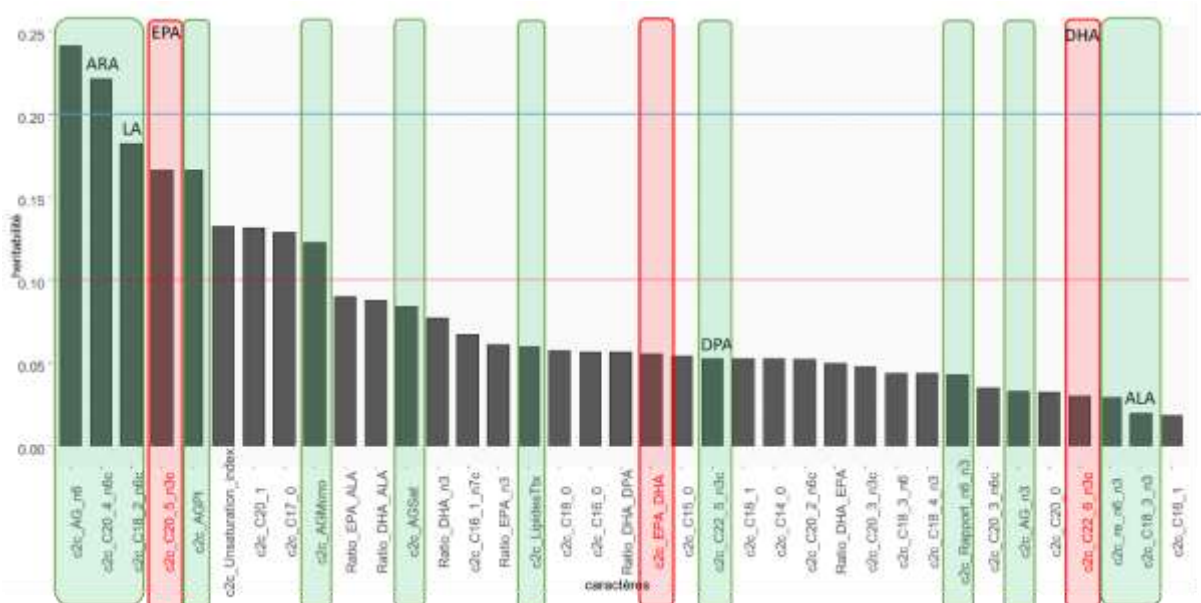


Figure 29 : Héritabilités estimées des teneurs en acides gras prédits par spectrométrie Raman.

La plupart des acides gras présentent des héritabilités de valeurs limitées mais non nulles. 9 acides gras présentent des héritabilités supérieures à 0,10.

Une analyse préliminaire d'association avec BLUPf90 montre une architecture polygénique des acides gras étudiés avec plusieurs groupes de liaisons associés pour un même acide gras comme par exemple les acides gras n-3, n-6, EPE+ DHA ou l'acide linoléique (figure 29).

7 Prado, E., Eklouh-Molinier, C., Enez, F., Causeur, D., Blay, C., Dupont-Nivet, M., Labbé, L., Petit, V., Moreac, A., Taupier, G., Haffray, P., Bugeon, J., Corraze, G., Nazabal, V., 2021. Prediction of fatty acids composition in the rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* by using Raman micro-spectroscopy. Submitted to *Analytica Chimica Acta*.

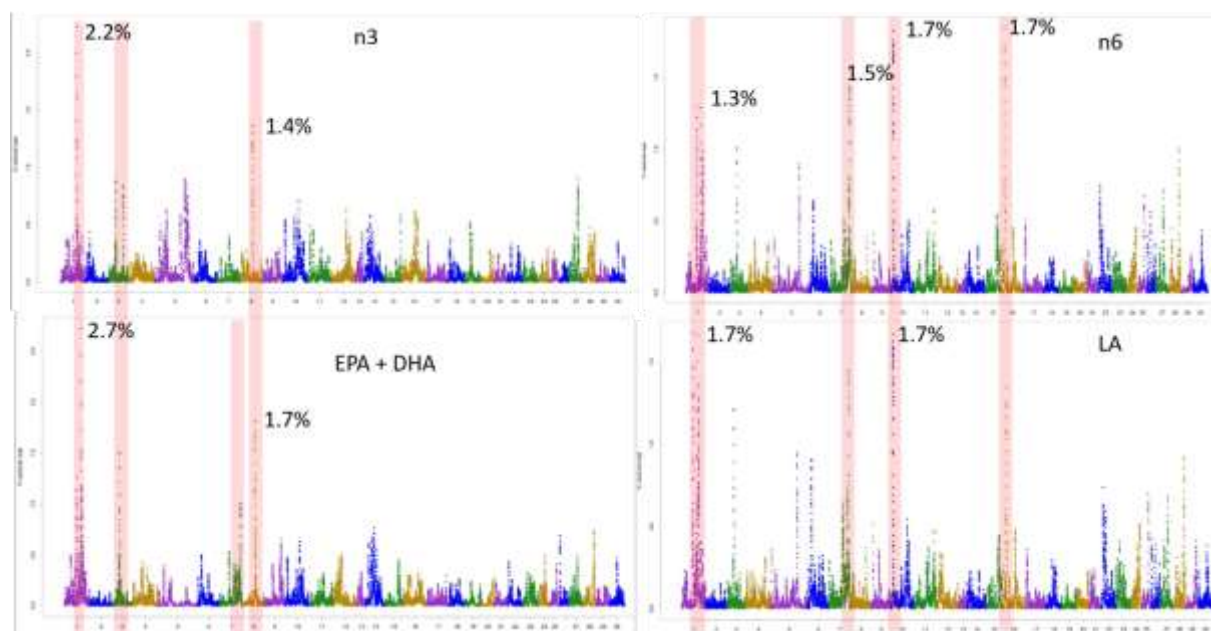


Figure 30 : Manhattan plot des 4 caractères d'acides gras en fonction des groupes de liaisons avec la part de la variance additive expliquées par les zones de marqueurs présentant une probabilité d'association significative.

Le traitement des données réalisé en 2020 a permis la rédaction d'un projet de publication en coyr de finalisation.

3-2-2-7 Phénotypage de la répartition des lipides dans la chair de truite par IRM et vision numérique

Dans le cadre du projet Oméga-Truite, le SYSAAF a aussi participé à l'estimation des paramètres et du déterminisme génétique de la répartition des dépôts adipeux sur les mêmes individus de l'entreprise de sélection Aqualande que ceux caractérisés en spectrométrie Raman pour l'estimation de la composition en acides gras (voir chapitre précédent). Ce travail a été réalisé en partenariat avec l'INRAE en combinant les méthodes de phénotypage par vision numérique et par IRM précédemment développées.

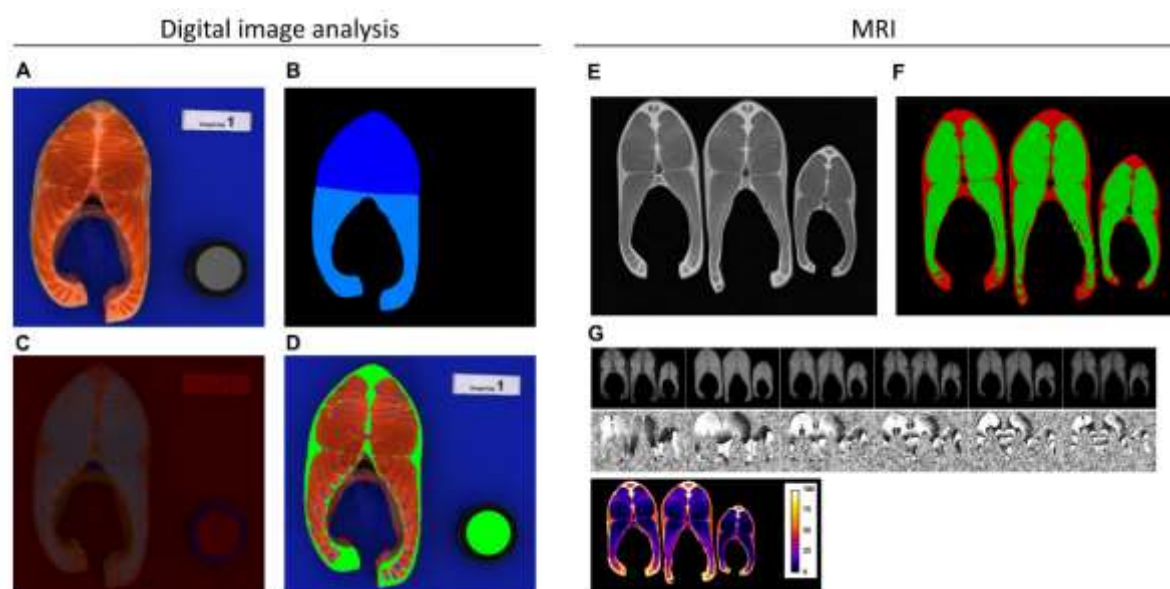


Figure 31 : Exemple d'images obtenues par vision numérique avant analyse d'image (A), pour étude de répartition dorso-ventrale (B), par segmentation pour analyse en système L*a*b* (C) ou pour estimation des surfaces de tissus adipeux sous cutanée ou de parage en vision (D) ou par IRM par écho de spin (E), pour différenciation du tissu musculaire ou adipeux (F) ou pour étude de la teneur en lipides (G).

Les performances moyennes des différentes performances mesurées sont décrites dans le tableau 8. Ce sont les caractères mesurés par pesée ou mesures de longueur (poids individu (BW) ou coefficient de condition (K), de teneur en lipides estimés avec le Fat Meter (Fat), de rendements en tête (Head%) ou en filet estimé par le rendement en carcasse éviscérée étêtée (HGCarc%), par IRM de développement relatif du tissu adipeux sous cutanée (MRI_F_sc%), de la teneur en lipides de la darne (MRI_F%) ou de la chair (MRI_F_F%) ou par vision numérique de la luminance (L_Flesh), de la couleur rouge (a_Flesh), de la couleur jaune (b_Flesh) ou de la surface de tissus adipeux sous cutanée (Adip%), ou par vision numérique

Tableau 8 : Les performances moyennes des différentes performances mesurées

Trait	Description	Mean	SE	Minimum	Maximum	CV	N
BW	Body weight (g)	2142.90	12.05	668	3983	22	1,509
K	Fulton coefficient $K = (BW/g) \times 100/BL^3$ (cm ³)	1.38	0.003	0.99	1.80	9	1,509
Fat	% Fat with Fatmeter	19.98	0.07	4.3	29.3	18	1,505
Head%	Head yield (Head% = head weight/BW × 100)	10.84	0.02	8.15	15.58	8	1,509
Carc%	Carcass yield (Carc% = (BW – viscera weight)/ BW × 100)	91.47	0.03	87.19	94.87	1	1,503
HGCarc%	Headless gutted carcass yield (HGCarc% = (BW – (head weight + viscera weight)/BW × 100)	80.64	0.03	75.36	84.83	2	1,503
MRI_F_sc%	Percentage of subcutaneous fat in whole steak	27.01	0.07	16.42	37.74	10	1,350
MRI_F%	Percentage of fat in whole steak	26.25	0.08	16.01	34.84	11	1,351
MRI_F_F%	Percentage of fat flesh in whole steak	12.54	0.05	6.61	19.83	16	1,351
L_flesh	Flesh colour Luminosity	49.62	0.04	44.90	55.99	3	1,509
a_flesh	Flesh colour a redness	36.66	0.05	28.13	40.38	5	1,509
b_flesh	Flesh colour b yellowness	43.68	0.05	31.48	49.95	4	1,509
Adip%	Percentage of subcutaneous adipose tissue in whole steak	26.21	0.07	14.66	37.70	11	1,509
Myo%	Percentage of myosepta in whole steak	0.76	0.02	0.01	7.20	91	1,509

Performances phénotypique des caractères mesurés par pesée ou mesures de longueur (poids individu (BW) ou coefficient de condition (K), de teneur en lipides estimés avec le Fat Meter (Fat), de rendements en tête (Head%) ou en filet estimé par le rendement en carcasse éviscérée étêtée (HGCarc%), par IRM de développement relatif du tissu adipeux sous cutanée (MRI_F_sc%), de la teneur en lipides de la darne (MRI_F%) ou de la chair (MRI_F_F%) ou par vision numérique de la luminance (L_Flesh), de la couleur rouge (a_Flesh), de la couleur jaune (b_Flesh) ou de la surface de tissus adipeux sous cutanée (Adip%), ou de surface des myoseptes (Myo%).

3-2-2-8 Développement d'une technique de phénotypage de l'efficacité alimentaire chez les poissons

Des recherches récentes ont permis de démontrer que l'amélioration de l'efficacité alimentaire des poissons serait essentielle pour réduire les impacts environnementaux des élevages de poissons. Le problème est que l'efficacité alimentaire ne peut être quantifiée seulement en individualisant la consommation d'aliment ce qui ne facilite pas l'amélioration de ce caractère via la sélection génétique.

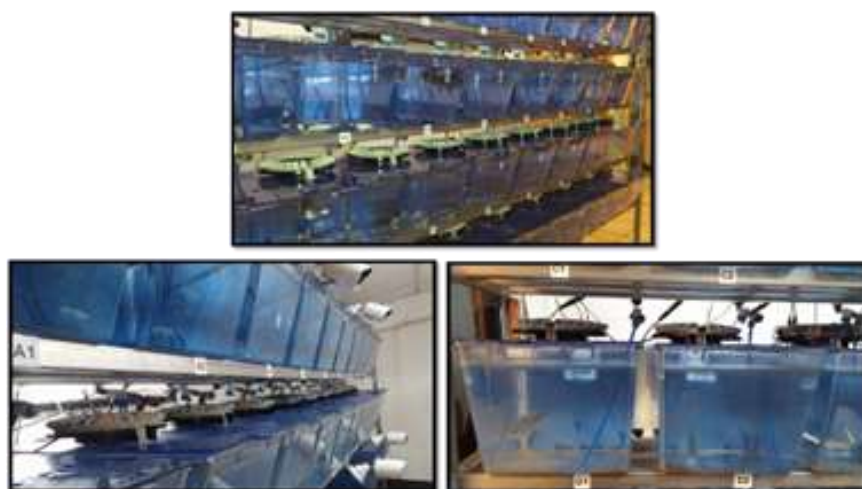


Figure 32: Batterie d'aquariums individuels

C'est dans ce contexte que le SYSAAF s'est impliqué dans trois projets de recherches visant à l'amélioration génétique de l'efficacité alimentaire en développant une méthode unique de mesure individuelle (AqualImpact, PerformFish et Selfie). Cette approche originale à l'échelle mondiale en aquaculture est complétée d'une estimation de la réponse corrélée à une amélioration génétique de la vitesse de croissance chez la truite et le bar (AqualImpact). Cette méthode se base sur la mesure de l'ingéré alimentaire et de la croissance des poissons dans des aquariums individuels (Figure 31). Ainsi, le SYSAAF travaille en étroite collaboration avec la station Ifremer de Palavas-les-flots (où se situe les 225 aquariums de mesure) et l'INRAE au sein du projet H2020 « PerformFish » et du projet FEAMP « Selfie ».

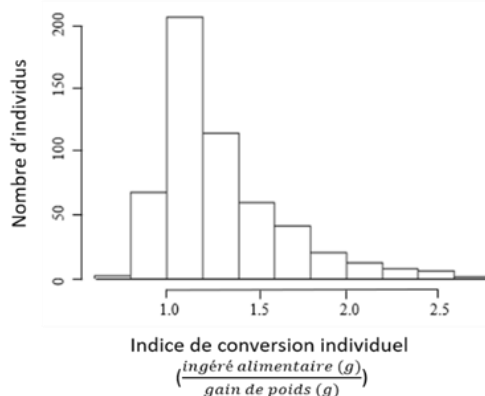


Figure 33 : Indice de conversion mesuré sur les 566 daurades.

Le projet PerformFish a permis de développer la méthode de mesure de l'efficacité alimentaire individuelle en aquarium sur les daurades issues d'un adhérent du SYSAAF, la ferme marine du Douhet (FMD). Dans ce projet, 566 daurades ont pu être phénotypées pour leur efficacité alimentaire individuelle. Les résultats phénotypiques montrent qu'une variabilité existe (Figure 33) entre les poissons. Cette variabilité étant un prérequis essentiel pour réaliser une éventuelle sélection génétique. Ainsi, tous les individus ont été génotypés à l'aide de la puce 57k SNP et les analyses génétiques sont en cours afin de déterminer l'héritabilité de l'efficacité alimentaire individuelle des daurades de FMD.

Dans un projet précédent sur le bar (H2020 « Embric »), il a été démontré que l'efficacité alimentaire possède une base génétique chez le bar ($h^2 = 0.47$). Le projet Selfie va donc poursuivre les recherches menées sur le bar pour définir les liens qui existent entre l'efficacité alimentaire individuelle, le taux métabolique et la composition lipidique corporelle. Dans ce projet en cours de réalisation, 571 poissons de l'Écloserie Marine de Gravelines Ichtus (EMGI, adhérent du SYSAAF) ont été phénotypés pour leur efficacité alimentaire dans les aquariums. Le taux métabolique basal (SMR) de ces 571 poissons a aussi été mesuré à l'aide de chambre de respirométrie individuelle. Les premiers résultats obtenus sur 86 poissons montrent que les poissons les plus efficaces individuellement ont un taux métabolique basal plus faible (Figure 34). Si ces résultats se confirment, ils permettraient de sélectionner des poissons plus efficaces et plus robustes face aux changements environnementaux.

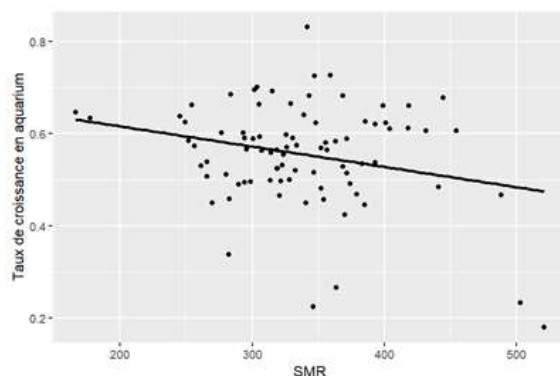


Figure 34 : Taux de croissance en aquarium en fonction du métabolique basal (mg O₂ / kg de poisson) pour 86 bars.

3-2-2-9 Phénotypage de caractères de résistance aux pathologies chez les espèces aquacoles

Depuis la création de la plate-forme d'infectiologie expérimentale ANSES-SYSAAF FORTIOR Genetics en 2017, par la mise en place d'une convention cadre entre l'ANSES et le SYSAAF, 5 couples hôtes pathogènes (bar/Nodavirus, bar/Vibrio Harveyi, daurade/Photobacterium damsela subsp. Piscicida, truite/vSHV ; truite/vNPI) sont régulièrement challengés au sein des installations afin de phénotyper la résistance aux maladies d'individus issus des entreprises adhérentes du SYSAAF.

Parallèlement de l'augmentation importante de l'activité de recherche conduite sur cette plate-forme, un projet de réaménagement de locaux de l'unité PVP et d'une salle expérimentale dédiée aux activités de la plate-forme a été élaboré. Cette demande soumise au FEAMP (mesure 51b) par l'ANSES avec la participation active de l'ingénieure SYSAAF a été acceptée en 2019. L'année 2020 a été dédiée à l'appui à l'ANSES afin de choisir les différents corps de métiers devant intervenir à partir du 2ème semestre 2021.



Figure 35 : Unité de challenge pathologique contrôlée en milieu confiné à l'ANSES (Agrément national pour l'expérimentation C 29-212-3)

A des fins de sélection génétique, ces challenges sont réitérés sur plusieurs générations successives. Cependant, à chaque réitération, les challenges doivent s'adapter aux spécificités des espèces et pathogènes et nécessitent des tests de mise au point et d'optimisation. Par exemple, la pathogénicité d'une souche bactérienne peut s'altérer lors d'une conservation à long terme ou encore du fait des repiquages successifs sur les milieux de culture et ainsi rendre moins efficace une épreuve infectieuse. Par ailleurs, les pathogènes présents sur le terrain évoluent et une veille épidémiologique, rassemblant les adhérents concernés et leur vétérinaire se met en place afin de cibler les bons pathogènes et surveiller les émergences. Pour chaque challenge, les alevins provenant des noyaux de sélection des entreprises doivent être indemnes et sont contrôlés d'un point de vue virologique et bactériologique afin de vérifier l'absence de germes pathogènes et particulièrement du pathogène à tester. En amont du challenge, des pré-tests sont systématiquement entrepris sur une petite partie de la cohorte afin de préciser la quantité d'agent infectieux à inoculer par injection ou par balnéation aux sujets. En effet pour qu'un challenge soit informatif, il doit idéalement 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). Différents paramètres peuvent limiter l'efficacité d'un challenge et induire des taux de mortalité trop faibles ou trop élevés. La virulence d'un pathogène n'est pas forcément acquise, il est parfois nécessaire de réactiver le pathogène en réalisant plusieurs cycles de multiplication. D'autre part, la taille optimale des poissons peut-être à déterminer. En effet, le système immunitaire inné peut ne pas être assez mature pour des sujets trop petits ou inversement trop mature pour des sujets âgés. Le poids au

En 2020 les challenges ont été conduits contre 5 pathogènes. Une nouveauté a été l'utilisation des capacités techniques et humaines de FORTIOR Genetics afin de tester la faisabilité de conduire des challenges pour éprouver la robustesse des truites à des variations de facteurs environnementaux associés au changement climatique (hyperthermie et anoxie) dans le cadre du projet HypoTemp soutenue par le FEAMP coordonné par l'INRAE en partenariat avec les entreprises de sélection Bretagne Truite et Viviers de Sarrance. Plus de 2000 truites challengées ont été génotypées et les estimations de paramètres génétiques seront réalisées à partir de 2021.

Fortior Genetics – Activité 2017-2020

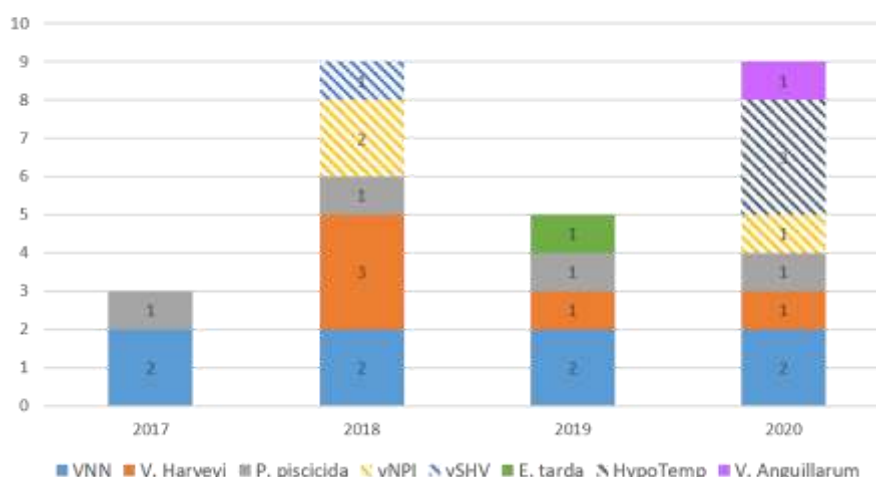


Figure 36: Evolution du nombre de challenges réalisés entre 2017 et 2020 à Fortior Genetics

Ainsi, un nouveau couple hôte/pathogène (bar/ *Vibrio Anguillarum*) a été testé en 2020. En effet, si la bactérie *Vibrio harveyi* est un pathogène important dans la survenue de vibrioses chez les poissons, de nombreuses espèces du genre *Vibrio* existent et l'espèce *Vibrio Anguillarum* est également une bactérie pouvant être mise en cause. Un protocole d'épreuve infectieuse expérimentale a été développée au sein de la plate-forme dans le but de phénotyper la résistance de bars communs à la vibriose causée par *Vibrio Anguillarum* et d'en estimer les paramètres génétiques. Des essais ont donc été mis en place et furent l'occasion de tester différents modes de contamination : la baignation, l'injection intra-péritonéale (IP) et la cohabitation avec des animaux contaminés par injection. Les deux premiers modes de contamination n'ont pas montré d'efficacité contrairement à l'injection IP, qui a été utilisée pour réaliser le challenge de phénotypage. Cependant, au regard de la littérature qui mentionne la nécessité d'altérer les barrières physiques des poissons pour que ces modes de contaminations soient efficaces, de nouveaux tests seraient à envisager, en modifiant les protocoles afin d'optimiser la réalisation de ce type de challenge.

La flavobactériose causée par la bactérie *Flavobacterium Psychrophilum*, est une maladie récurrente chez les salmonidés avec un fort impact sur la production de saumons et de truites. Des études de paramètres génétiques ont déjà été réalisées avec les adhérents du SYSAAF à partir d'épizooties naturelles. Cependant, la réalisation de phénotypage de la résistance à la flavobactériose en milieu contrôlé n'a pas été abordé. En 2020, un projet nommé FlavoControl a été monté en partenariat avec les unités VIM, GABI et l'IERP de l'INRAE, avec le SYSAAF et deux entreprises adhérentes du SYSAAF : Viviers de Sarrance et Milin Nevez. Ce projet a pour objectif de développer les installations de l'IERP et de réaliser une preuve de concept de phénotypage en milieu contrôlé de la résistance à la flavobactériose de populations de truites commerciales. Ce projet, porté par l'INRAE et suivi par le SYSAAF permettra aux adhérents de travailler sur un nouveau phénotype, à savoir la résistance à la flavobactériose en milieu contrôlé.

3-2-2-10 Phénotypage de caractères de résistance aux variations des conditions de milieu chez la truite.

Le contexte actuel de changement climatique global est susceptible de provoquer l'apparition de périodes estivales de plus en plus chaudes et de plus en plus sèches. Dans ce contexte, les élevages de truites, en tant que pisciculture d'eau froide, sont susceptibles d'être doublement impactés, avec à la fois une hausse possible de la température de l'eau sur certaines périodes, mais aussi une diminution de la concentration en dioxygène (O₂) dissous dans l'eau. Dans ce cadre, le SYSAAF est partenaire du projet FEAMP HypoTemp ayant débuté en mars 2020 et d'une durée de 3 ans, et visant à caractériser la faisabilité d'une sélection génétique pour la résistance à des pics de température ou d'hypoxie. Au mois d'Août 2020, les populations de deux sélectionneurs de truite, adhérents du SYSAAF, ont ainsi été challengées sur la plateforme FORTIOR à deux types de modifications des conditions environnementales : une population a subi un stress aigu d'augmentation de la température de l'eau (par chauffage du bassin de challenge) et la seconde à un stress

aigu de diminution de la concentration en dioxygène dissous (par bullage d'Azote dans l'eau). Ce dernier challenge a de plus, été conduit sur deux lots différents de la même population : un lot diploïde, et un lot triploïde, afin de caractériser la corrélation des mesures phénotypiques entre ces deux niveaux de ploïdie (les piscicultures d'élevage/grossissement élèvent en effet majoritairement des truites triploïdes, alors que les piscicultures de sélection élèvent des individus diploïdes).

Pour chacun de ces 3 challenges, environ 1400 individus ont été challengés sur la plateforme FORTIOR du SYSAAF, par bassins d'environ 200 poissons. Afin de phénotyper l'ensemble des 1400 individus nécessaires à la bonne évaluation des paramètres génétiques, une durée de 7 jours de challenges successifs (200 poissons par jour) a été nécessaire pour la réalisation d'un seul challenge. Pour chaque jour de challenge, les caractéristiques suivantes ont été mesurées :

- Horodatage du décrochage
- Poids de l'individu (pour correction par le poids)
- Température ou concentration en O₂ de l'eau au moment du décrochage
- Température ou concentration en O₂ de l'eau au début du challenge
- Prélèvement ADN (pour génotypage ultérieur)

L'ensemble de ces données ont été collectées et bancarisées à l'aide de l'outil INFAQUA du SYSAAF, assurant la traçabilité de la donnée depuis sa collecte jusqu'à son analyse.

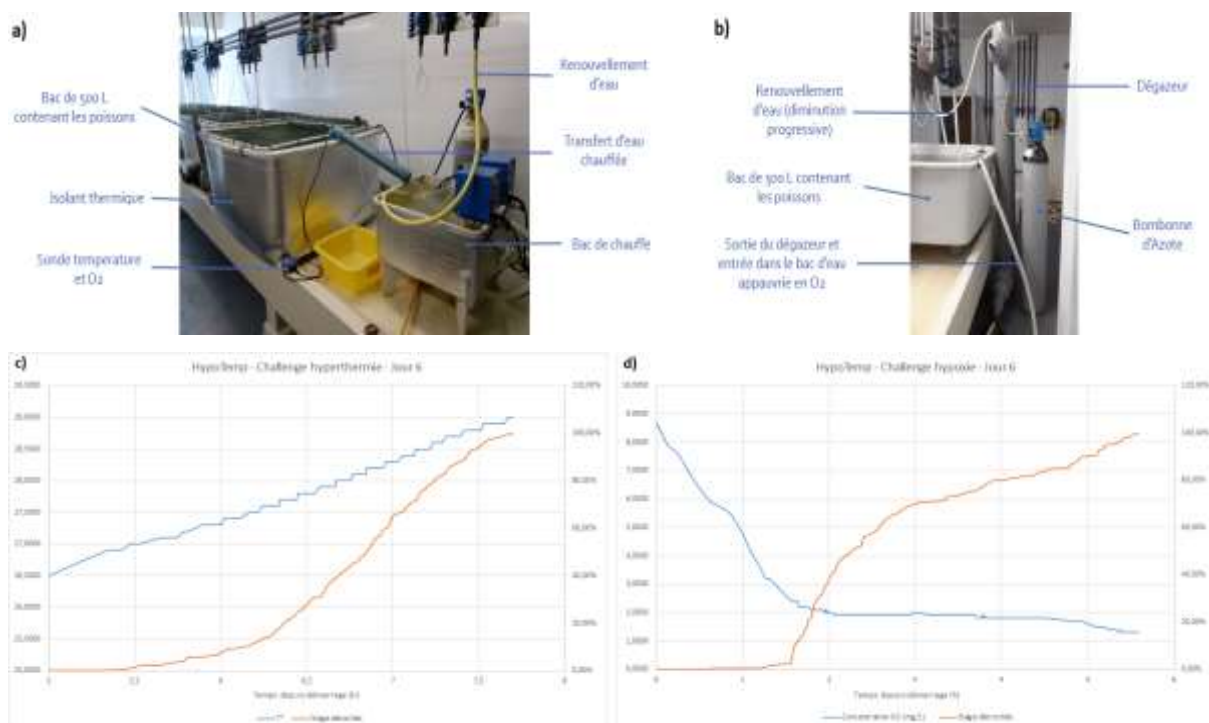


Figure 37: a) Installations pour challenge hyperthermique. b) Installations pour challenge hypoxique. c) Cinétique de décrochage d'un challenge hyperthermique. d) Cinétique de décrochage d'un challenge hypoxique.

3-2-2-11 Phénotypage de caractères de reproduction et de qualité des poussins chez les volailles

La préservation du patrimoine génétique est une des priorités nationales faisant l'objet d'engagements internationaux de la France dans le cadre de la FAO et du Protocole de Nagoya. Dans le même temps, les races locales d'animaux de rentes voient leurs effectifs se réduire, voire disparaître au profit d'un nombre limité de populations commerciales. Outre le maintien et la gestion de cheptels sur pied qui reste une priorité, le choix de la cryopréservation de sperme a également été fait par les acteurs du GIS Cryobanque Nationale, dont le SYSAAF est membre (Thélie et al., 2019). Il est néanmoins nécessaire de qualifier

expérimentalement la qualité des semences avant cryopréservation et sa fécondance après décongélation pour vérifier que la procédure est efficace.

Un 2^{ème} volet de ce travail de phénotypage concerne les analyses biologiques actuellement utilisées pour qualifier la qualité de la semence. Celles-ci ne sont pas totalement satisfaisantes, prédictives et/ou répétables, aussi est-il nécessaire de développer un nouveau paradigme mettant en œuvre des approches novatrices. Des travaux préliminaires montrent que de nouvelles technologies comme la spectrométrie de masse pourraient permettre d'obtenir des résultats fiables et répétables permettant de caractériser le potentiel reproducteur des mâles. Ainsi, Labas et al. (2015) ont montré que l'ICM-MS (Intact Cell Maldi-ToF Mass Spectrometry) est une méthode de protéomique qui permet de réaliser un phénotypage moléculaire des semences en accédant à leurs compositions protéiques et peptidiques. Soler-Vasco et al. (2016) ont ensuite mis en évidence le potentiel diagnostique de cette méthode en comparant les résultats d'analyses protéomiques avec ceux de tests de fertilité chez des coqs présentant des taux de fertilité très contrastés. Dans ce contexte, le programme Fertimâle a pour objectif de confirmer le caractère diagnostique de ce test chez différentes lignées en sélection commerciale de l'espèce Gallus. Néanmoins, outre l'aspect diagnostique, l'intérêt des sélectionneurs pour une utilisation en routine chez les volailles réside surtout dans sa capacité prédictive qu'il convenait d'explorer, l'objectif étant alors d'utiliser ce test dès l'acquisition de la maturité sexuelle d'un coq pour prédire son potentiel de persistance au cours du cycle de production. Afin de valider cette hypothèse, dans le cadre du programme Fertimâle, le SYSAAF a réalisé la collecte d'un large échantillonnage de semences de coqs de 4 populations pedigree, c'est-à-dire à généalogie connue (lignée chair et ponteuse), à 3 stades du cycle de production chez deux de ses adhérents. Conjointement aux collectes, des tests de qualification de la semence et de fertilité par IA monospermique ont été réalisés afin de pouvoir comparer les résultats des analyses ICM-MS avec les données de phénotypage reproductif, en inséminant 10 poules avec la semence d'un même mâle de manière à définir sa fertilité réelle. L'ensemble des échantillons de semences a donc été analysé par spectrométrie de masse et la modélisation mathématique permettant d'évaluer et de classer le potentiel de fertilités des animaux est en cours.

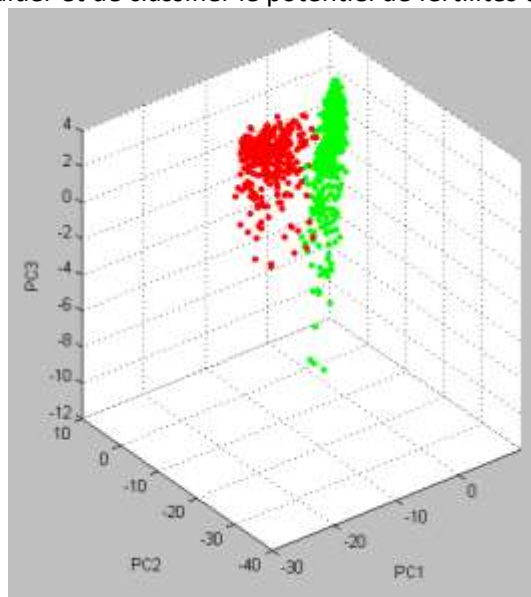


Figure 38 : ACP représentant le classement de la semence des coqs de souches chairs et pontes après analyse par ICM-MS (lignée ponte en rouge, lignée chair en vert)

Cependant, les premiers résultats montrent clairement que les lignées chairs et pontes sont bien discriminées par analyse ICM-MS. Il reste maintenant à corréliser les données d'analyses protéomiques avec les données de fertilité « terrain » afin de vérifier si le modèle mathématique permet de classer avec précision les coqs en fonction de leur capacité de reproduction. Par la suite, une interface homme-machine sera développée par le SYSAAF et ses partenaires du projet afin de mettre cet outil à disposition des industriels.

Les critères de qualification de la semence actuellement utilisés ne garantissent pas non plus une meilleure qualité de poussin. Dans ce contexte, le SYSAAF est impliqué dans un 3^{ème} volet, le programme

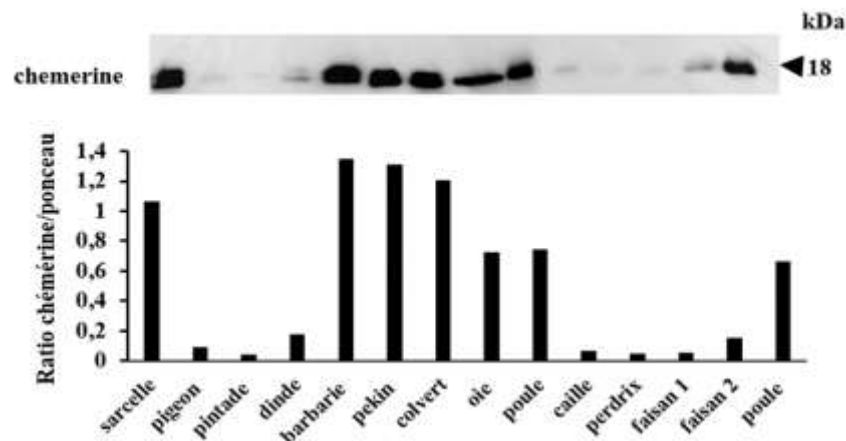


Figure 40 : Expression par Western blot de la chémérine dans le blanc d'œuf de différentes espèces aviaires

Les travaux de 2020 ont pu montrer que cette présence de la chémérine est par ailleurs associée à une variabilité importante de concentration dans l'albumen plus importante entre les différents individus (85%) comparée à la variabilité au sein d'un même animal (24%) (Figure 41). Ce résultat encourageant suppose qu'il serait possible de sélectionner ce caractère au sein d'un cheptel de parentaux afin d'améliorer les performances de reproductions et de robustesses des poussins.

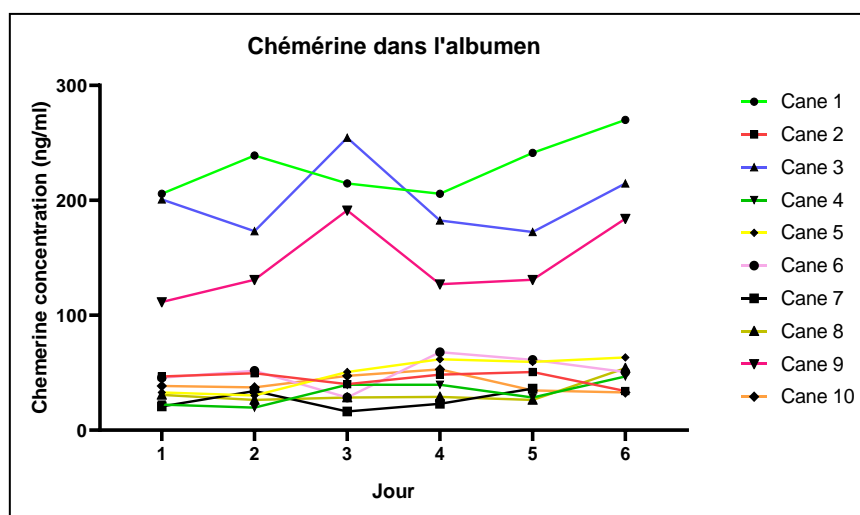



Figure 41 : Dosage Elisa de la concentration de chémérine dans l'albumen d'œuf de canes pékins.

Fort de nos résultats sachant que les différents constituants de l'œuf jouent obligatoirement un rôle durant le développement embryonnaire, de nouvelles expérimentations seront mises en œuvre en 2021, pour explorer le rôle putatif de la chémérine dans ce processus chez les espèces Gallus et canards commun et de Barbarie. Un sujet de thèse de doctorat a pu être construit avec l'INRAE, le CIFO, plusieurs adhérents (Programme ChemPredict), et les travaux ont pu être mis en route dès la fin décembre 2020 avec la préparation des plans d'expériences. Le travail de thèse sensu stricto démarre au 1^{er} janvier 2021 avec l'arrivée d'Ophélie Bernardi au SYSAAF.

Parallèlement aux aspects de reproduction et de qualité du poussin, le problème d'élimination des poussins mâle d'un jour chez les pondeuses est devenu un problème éthique prioritaire au niveau national, mais également Européen. Une solution pour éviter de les tuer serait d'élever ces poussins mâles, mais ceux-ci ne répondent pas actuellement aux attentes du consommateur. Dans ce contexte de nombreux travaux sont actuellement conduits pour trouver des méthodes permettant de sexer l'embryon dans l'œuf, afin d'écartier les mâles avant éclosion et ainsi éviter de les éliminer après sexage. Cette approche fera l'objet d'investigation dans le programme H2020 PPILOW. Mais une autre alternative consisterait en croisant des



génotypes existants chez les sélectionneurs, à réaliser des croisements dit à double-fin, c'est-à-dire des croisements donnant des poussins femelles pouvant être utilisés pour la production d'œufs et les mâles pour la production de viande (poulets de chair). Le SYSAAF en tant que partenaire du programme PPILOW, coordonne cette tâche pour, en collaboration avec les entreprises de sélection adhérentes, produire et tester différents compromis entre ponte et production de viande pouvant être acceptables pour les éleveurs et répondre aux attentes des consommateurs et citoyens. Ainsi, des lots expérimentaux constitués de plusieurs génotypes avec différents objectifs de croissance et de production d'œufs (un génotype typé « chair », un génotype « rustique », un génotype typé « ponte) a été produit et sont actuellement encore en cours d'élevage dans trois pays différents (Danemark 2019-2020, Allemagne 2020 – Thunen Intitute, France 2020-2021 INRAE Le Magneraud). De nombreux critères de productivité, mais également de comportement et de bien-être vont être collectés, dans trois environnements différents mais respectant des cahiers des charges de type élevage bio. Le SYSAAF a assuré sur 2019 et 2020 la logistique entre les partenaires permettant la mise en place de ces essais terrain et il participe au suivi des expérimentations puis réalisera l'analyse globale des données multisites.

3-2-2-12 Impact de mécanismes épigénétiques sur les phénotypes comportementaux chez les oiseaux

Les populations de gibiers sauvages en France sont pour certaines en déclin et le maintien et la gestion de ces espèces souvent emblématiques deviennent aujourd'hui des enjeux majeurs. Afin de pallier à cette diminution des populations, des lâchers de gibiers d'élevage sont effectués chaque année que ce soit pour répondre à des objectifs cynégétiques ou à des objectifs de repeuplement et de conservation. Cependant, la survie et les capacités de reproduction de ces animaux restent faibles en milieu naturel.

GibAdapt, programme de recherche collaboratif rassemblant, outre le SYSAAF qui le coordonne, à la fois des organismes professionnels et scientifiques (InterProchasse, l'Université de Rennes 1, l'INRAE et l'Institut Méditerranéen du Patrimoine Cynégétique et Faunistique (IMPCF)) et qui mobilisent pour l'expérimentation sur le terrain un sélectionneur, des éleveurs et 3 Fédérations Départementales de Chasseurs, a ainsi pour objectif de tester des méthodes susceptibles d'optimiser la survie et de favoriser les capacités d'adaptation et de reproduction du gibier d'élevage après sa remise en nature. L'originalité de ce projet est de s'intéresser aux influences parentales prénatales, dont les effets sur le développement comportemental des jeunes ont largement été démontrés notamment grâce aux études réalisées en éthologie en lien avec les mécanismes épigénétiques. Les expérimentations mettent en œuvre deux modèles biologiques, la caille japonaise et la perdrix rouge.

Dans le volet concernant la caille japonaise (*Coturnix coturnix japonica*), les expérimentations réalisées permettent de tester l'influence de différentes conditions de vie maternelle i) stressantes et ii) complexes et variables, sur le développement de trois générations de descendants (F1 à F3). La réactivité émotionnelle et les capacités d'apprentissage des poussins sont évaluées afin de mettre en évidence l'impact des traitements prénataux sur des comportements essentiels à l'adaptation d'un individu à son environnement. En complément à cette caractérisation comportementale, des corrélats physiologiques (comme la teneur en corticostérone plasmatique, ou la composition hormonale des œufs) et neurobiologiques (mécanismes épigénétiques) sont ou seront identifiés.



Parallèlement, ces influences prénatales sur le développement comportemental et les capacités d'adaptation sont étudiées en élevage et en nature chez la perdrix rouge (*Alectoris rufa*).

Cette phase du programme GibAdapt a été initiée en mars 2019 en partenariat avec plusieurs éleveurs et fédérations de chasse. 1 200 descendants de différents lots expérimentaux ont été mis en nature en août 2019 et répartis sur 3 territoires au niveau national (400 oiseaux par territoire) grâce au soutien et à la mobilisation des FDC partenaires et des équipes locales de techniciens. Les capacités de survie et d'adaptation de ces perdreaux sont en cours d'évaluation grâce à la quantification des prélèvements réalisés à la chasse à l'automne 2019, au suivi individuel d'oiseaux équipés d'émetteurs (60 perdrix ont été équipées sur l'un des territoires) ainsi qu'à la réalisation de captures/recaptures en nature en février 2020.

L'année 2020 aura permis l'analyse des données sur les oiseaux capturés au printemps en fonction des conditions de traitement pré natal et post natal. Un exemple des différences observées entre l'ouverture de la chasse et le prélèvement des oiseaux est présenté figure 42.

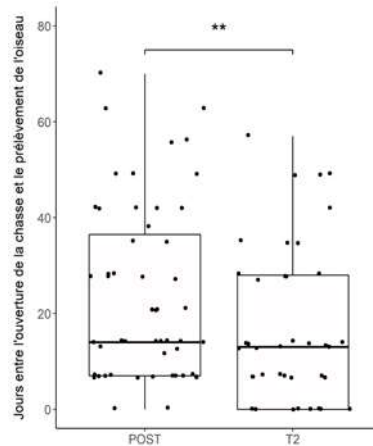


Figure 42 : Différences entre la date de prélèvement après ouverture de la chasse et le type de traitement reçu par les animaux lâché

Le suivi par télémétrie des différents types d'animaux en fonction des modes d'élevages et de traitements pré et post nataux doivent également permettre, par une autre approche, de mieux visualiser les effets de ces traitements sur les chances de survies des animaux lâchés (Figure 43).

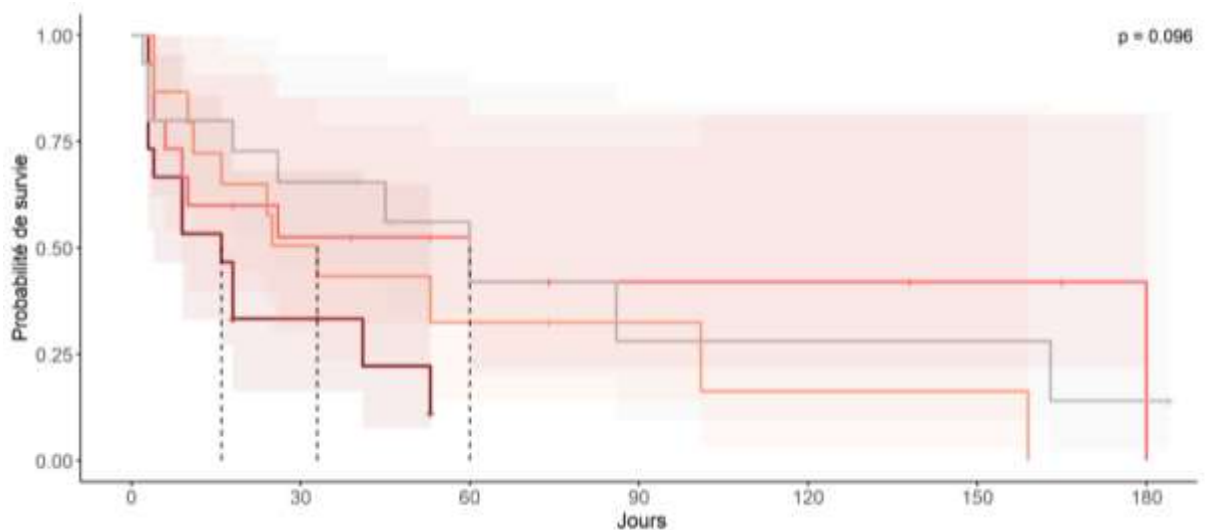


Figure 43 : probabilité de survie à 6 mois des en fonction des conditions pré et post natal d'environnement.

Les travaux ayant été partiellement retardés par la période COVID, la remise des résultats et la finalisation des traitements de données sont maintenant attendus pour le 2ème semestre 2021

3-2-2-13 Phénotypage de caractères d'intérêt chez la mouche soldat noire.

L'objectif de ce projet 2020 était d'étudier la faisabilité de la prédiction par spectroscopie pour un certain nombre de traits d'intérêts chez *Hermetia illucens*.

Très courante dans certains domaines, comme l'agro-alimentaire, l'utilisation de la spectroscopie en entomoculture reste marginale et cette technique est encore peu utilisée à l'heure actuelle dans ce secteur où les techniques de phénotypage ne sont par ailleurs pas encore bien maîtrisées et optimisées. Nous avons par différents pré-tests utilisé différentes techniques de spectroscopie (NIR et RAMAN) pour le phénotypage de ces traits afin d'envisager ensuite une étude génétique de ces caractères et un éventuel déploiement à grande échelle.

Après avoir calibré les mesures pour chacun des traits évalués, des spectres NIRS et RAMAN ont été acquis et comparés pour quelques individus issus de la production d'un adhérent, Innovafeed. Avec la première technologie, les résultats montrent qu'il semble possible de discriminer par spectroscopie NIR « l'âge » d'une puppe (Figure 44). Les marqueurs spectroscopiques permettant la discrimination de pupes d'âges différents peuvent être identifiés et pourraient permettre de mieux comprendre une partie des mécanismes moléculaires lors du stade de pupaison de la larve de mouche soldat noire.

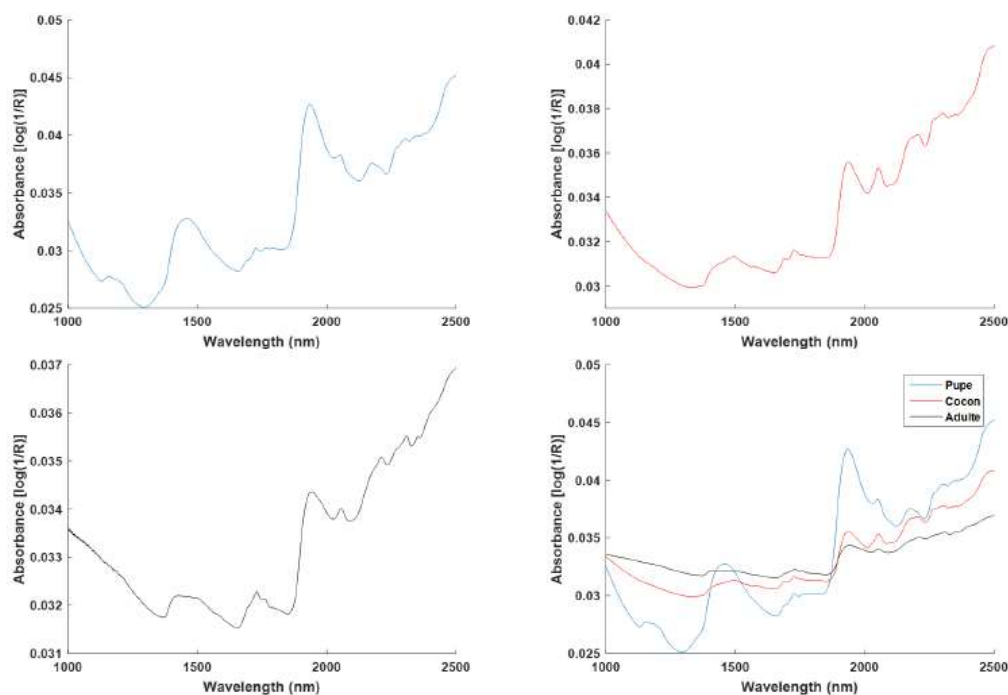


Figure 44 : Spectre NIR de différents stades

Par contre, à partir des premiers pré-tests en spectroscopie RAMAN, il n'a pas été à l'heure actuelle possible d'obtenir une signature spectrale satisfaisante de la puppe de mouche soldat noire, probablement en raison d'une forte fluorescence intrinsèque.

Ces premiers résultats sont une base importante, au moment où le nombre d'adhérents de la section entomocole au SYSAAF s'accroît, pour la mise en place de travaux plus conséquents dans le domaine du phénotypage haut-débit de différents caractères d'intérêt potentiels.

3-2-3 Références citées

Aslam, M. L., Carraro, R., Bestin, A., Sophie Cariou, S., Sonesson, A. K., Bruant, J.-S., Haffray, P., and Luca Bargelloni, L. M., T. H. E. 2018. Genetics of resistance to pasteurellosis in gilthead sea bream (*Sparus aurata*) using 2b-RAD sequencing. *BMC genetics* 19 (1), 43. doi.org/10.1186/s12863-018-0631-x.

Bestin, A., Haffray, P., Morin, T., 2019. Intégration de caractères de résistances à 5 pathologies dans les schémas de sélection commerciaux de la truite, le bar et la daurade. 6èmes Journées de la Recherche Filière Piscicole, Paris, 2-3 juillet, 2019. Présentation orale.

Chapuis, H., Vandeputte, M., Dupont-Nivet, M., Haffray, P., and Quillet, E. 2010. Selection for an improved disease resistance using factorial mating designs and molecular based pedigrees in fish: a simulation study. Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Leipzig, Germany, CD Rom Paper, N°0210.

Doan, Q. K., Vandeputte, M., Chatain, B., Haffray, P., Vergnet, A., Breuil, G., and 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.

Foulley, J. L., and Manfredi, E. 1992. L'évaluation génétique des reproducteurs pour des caractères à seuil. *INRAE Prod. Anim. Hors-série* 1-6, 201-204.

Garces M.-F., Sanchez E., Acosta B.J., Angel E., Ruíz A. I., Rubio-Romero J.A., Diéguez C., Nogueiras R., Caminos J.E. 2012. Expression and regulation of chemerin during rat pregnancy. *Placenta*. May; 33(5):373-8. doi: 10.1016/j.placenta.2012.02.007.

Labas V, Grasseau i, Cahier k, Garcaros A, Haricahux G, Texeira-Gomes AP, Alves S, Bourin M, Gérard N, Blesbois E. 2015. Qualitative and quantitative peptidomic and proteomic approaches to phenotyping chicken semen. *J Proteomics*. 112 :313-35. Doi :10.1016/j.prot.2014.07.024.

Morvezen, R., Bestin, A., Tiriau, A.S., Pallandre, L., Cabon, J., François, Y., Cariou, S., Bruant, J.B., Coulombet, C., Bajek, A., Vandeputte, M., Allal, F., Morin, T., Guéméné, D., Haffray, P., 2018. Heritabilities of resistance to VNN and vibriosis and genetic correlations with production traits and processing yields in two commercial selected lines of the European sea bass *Dicentrarchus labrax*. International Symposium on Genetics in Aquaculture, Cairns, Australia from 15 - 20 July, 2018 (proposal for oral presentation).

Palaiokostas, C., Cariou, S., Bestin, A., Bruant, J-S., Haffray, P., Morin, T., Allal, F., Vandeputte, M., Ross Houston, R., 2018. Genome wide association and genomic prediction of resistance to viral nervous necrosis in European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) using RAD sequencing. *Genetics Selection Evolution* 50 (1), 30. doi.org/10.1186/s12711-018-0401-2.

Soler I, labas V, Thélie A, Grasseau I, Teixeira-Gomes AP, Blesbois E. 2016. Intact Cell MALDI-TOF MS on sperm : A molecular test for male fertility diagnosis. Doi : 10.1074/mcp.M116.058289.

Stadlander T, Stamer A, Buser A, Wohlfahrt J, Leiber F, Sandrock C. 2017. *Hermetia illucens* meal as fish meal replacement for rainbow trout on farm. *Journal of Insect as Food and Feed*. Doi.org/10.3920.

Thélie, A., Bailliard, A., Seigneurin, F., Zerjal, T., Tixier-Boichard, M., Blesbois, E., 2019. Chicken semen cryopreservation and use for the restoration of rare genetic resources. *Poultry Science* 98(1), 447–455, <https://doi.org/10.3382/ps/pey360>. A correction has been published: *Poultry Science* 98(1), Volume 98, p 500, <https://doi.org/10.3382/ps/pey441>

3-2-4 Acquisition de connaissances

Les travaux expérimentaux présentés dans cet axe ont permis de développer et valider différentes méthodes de phénotypage innovantes, généralement pour caractériser, puis quantifier de nouveaux caractères qui peuvent être pris en considération dans les programmes de sélection génétique, pour l'espèce considérée. Ils ont le plus souvent été réalisés dans le cadre de programmes expérimentaux ayant bénéficié de financements, avec la contribution active des salariés du SYSAAF, mais également de nombreux partenaires publics et privés.

L'implication du SYSAAF couplée à la mutualisation des approches permet un transfert facilité et rapide des acquis méthodologiques et conceptuels d'une espèce, vers une autre, même si une validation est nécessaire. L'implication des adhérents du SYSAAF dans ces programmes permet quant à elle une efficacité de la valorisation directe des résultats de la recherche, garante du maintien de leurs capacités d'innovation et de performance dans un milieu concurrentiel à l'échelle européenne (bar, daurade, huître) ou mondiale (truite, volailles). Cette dynamique permet aux entreprises françaises adhérentes du SYSAAF de bénéficier d'une capacité d'innovation permanente et renouvelée au plus proche de leurs attentes par rapport aux demandes du marché ou à des opportunités d'innovation, en concurrence avec les derniers travaux de recherche internationaux.



Ces développements technologiques et l'acquisition de nouvelles connaissances scientifiques sont conduits en étroite interaction avec les projets des autres axes puisqu'ils sont complémentaires au développement de ressources génomiques et à l'initiation de la sélection génomique chez nos espèces (Axe 2) et nécessitent le développement de nouveaux outils informatiques ou le recours à de nouvelles méthodes de traitements (Axe 3). Ces démarches sont cruciales car elles participent à l'amélioration de la productivité et de la performance des produits sélectionnés mis sur le marché, permettant aux acteurs français d'être compétitifs sur le marché international, avec des produits de qualité reconnue.

3-3 Développement de ressources génomiques et création et/ou optimisation d'outils de génotypage

(Objectif opérationnel 4, Thématiques 1 & 2)


Dans une démarche à long terme, le SYSAAF a poursuivi sa démarche de caractérisation de ressources génomiques pour les différentes populations des espèces sélectionnées chez nos adhérents lorsqu'elles ne sont pas disponibles. Des stratégies appropriées tenant compte de la nature des possibilités d'applications ultérieures chez nos partenaires sont mises en œuvre pour répondre aux thématiques 1 et 2 du SYSAAF.

3-3-1 Objectifs du projet

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 un préalable indispensable afin d'apprécier la diversité génétique intra population et inter population, puis 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 via plusieurs programmes de recherche concernant notamment la palourde japonaise (Vivaldi/RésiPal), la crevette bleue (financement Polynésie française) et la truite (SG-Truite).

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. La gestion des accouplements permet également malgré le nombre restreint de reproducteurs de limiter l'augmentation de la consanguinité dans les populations en conservation. En aquaculture, le recours à des plans de fécondation de type semi-factoriel et à des assignations de parenté par empreintes génétiques maximise la conservation de la variabilité génétique. Chez le turbot (Turboost), le développement d'un outil d'assignation de parenté permettra de reconstituer le pedigree pour améliorer la sélection sur des critères de résistance aux maladies (*Edwardsiella tarda*) et de rendement et découpe. Sur cette espèce, l'assignation de parenté est actuellement réalisée par un panel de 12 microsatellites, et les performances de l'assignation de parenté, bien que correctes, peuvent être améliorées via le développement d'un panel de 96 marqueurs SNP, tout en réduisant le coût de l'outil. D'autres espèces, comme la palourde japonaise (Vivaldi/RésiPal), la crevette bleue, la crevette monodon (crevette OSO) ne disposent pas d'outils microsatellites préexistants et requièrent donc le développement de panels d'assignation SNP. 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. Chez les crevettes, les spermatozoaires de plusieurs mâles sont utilisés avec une même femelle, mais la participation des différents mâles à la descendance n'est pas connue : les panels d'assignation permettront de déterminer la contribution relative des différents géniteurs utilisés lors des fécondations et d'adapter le programme de sélection en conséquence. Pour les espèces avicoles, la gestion du patrimoine génétique via le contrôle des accouplements repose dans la plupart des espèces sur l'insémination artificielle et le recours à des cages individuelles pendant la période de ponte. Compte-tenu de l'évolution des attentes sociétales en matière de bien-être animal, ces pratiques et modes d'élevage risquent d'être remis en cause. Et dans le cas de races locales élevées sur plusieurs sites, ces dispositifs sont peu adaptés. Un enjeu majeur pour le SYSAAF est d'anticiper cette évolution et de répondre aux besoins en mettant au point des panels SNP d'assignation de parenté et des méthodes adaptées, notamment pour la poule (Noire de Challans), le faisan (FaisSigne), l'oie (SNPoie), les canards (PalmiP, AsparCan), les perdrix (RufAssign).

La préservation du patrimoine génétique peut avoir pour objectif de contrôler l'impact des pratiques de sélection ou de repeuplement sur la diversité génétique de populations domestiques et/ou sauvages. Le SYSAAF répond à cet objectif avec la mise en œuvre d'un panel de marqueurs SNP pour la détection de l'hybridation entre la Caille des blés et la Caille japonaise. Une collaboration avec l'Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage dans le programme Caill'ou vise à quantifier la présence d'individus hybrides dans les populations sauvages de Caille des blés échantillonnées en France. Le SYSAAF collabore également avec MIGADO pour la restauration écologique de populations de truites, et des travaux ont été réalisés afin



d'analyser l'impact du repeuplement sur le terrain. Dans le projet Chimère (collaboration entre le SYSAAF et Marina Govoroun de l'équipe Physiologie de la Reproduction et des Comportements de l'INRAE), c'est un tout autre aspect de la conservation qui est abordé : le but de cette étude est d'évaluer le potentiel de l'utilisation de cellules germinales primordiales (PGC) en tant que ressources génétiques conservatoires quand il est impossible de conserver une lignée avicole sur pied.


3-3-2 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), et/ou la proportion de régions polymorphes 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 ; 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 en utilisant une faible densité de marqueurs. La crevette bleue *Litopenaeus stylirostris* est l'espèce majoritairement élevée dans les territoires outre-marins français. Originaires des côtes mexicaines, elle a été importée dans les années 70 en Polynésie française, puis en Nouvelle-Calédonie. A l'amorce d'initier un programme de sélection sur cette espèce en Polynésie française, il est important de mesurer la diversité génétique dans la population polynésienne pour s'assurer du potentiel de sélection. Un panel d'assignation contenant 413 SNPs a déjà été développé en 2016 à partir de ressources génétiques de la population Nouvelle-Calédonie, cet outil pourrait servir de base pour mesurer des indicateurs de diversité génétique chez cette espèce. Chez la truite (SG-Truite), les populations commerciales françaises de truites arc-en-ciel sont sous sélection en population fermée depuis plusieurs décennies, ce qui entraîne une perte de diversité génétique, élément clé pour conserver le progrès génétique à long terme ainsi que les capacités d'adaptation à des changements d'environnement. L'étude vise à utiliser pour la première fois dans les populations françaises des indicateurs de diversité basés sur des informations moléculaires : indice de fixation (FST), déséquilibre de liaison (DL), taille effective de la population (N_e) et coefficient de consanguinité dérivé des ROHs.

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 proches de 100% (Vandeputte and Haffray, 2014). Pour les développements des panels d'assignation les plus récents, ce sont les marqueurs SNP qui sont préférés, avec des panels de petite taille permettant d'atteindre de très bons taux d'assignation, en fonction du nombre de parents utilisés à chaque génération (Vandeputte, 2012) (Villanueva et al., 2002) : 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 : palourde japonaise, turbot, crevette bleue, crevette monodon, faisan, perdrix grise, perdrix rouge, oie, canard barbare, canard commun, poule. 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. Chez la palourde japonaise *Ruditapes philippinarum*, un panel d'assignation de parenté avait été développé au cours du projet européen Vivaldi. Toutefois la qualité des SNPs identifiés s'était révélée moyenne, notamment en raison du fort polymorphisme rapporté chez les mollusques. La publication d'un nouveau génome de référence pour la palourde japonaise en 2019 (Yan et al., 2019) nous donne l'opportunité d'améliorer le panel d'assignation (projet RésiPal). Chez la crevette *Penaeus Monodon*, deux bases de données de ressources génomiques sont disponibles dans la littérature (Baranski et al., 2014; Guo et al., 2019). Ces données pourront servir de base pour le développement d'un outil. Chez les gibiers et les oies, aucune ressource génomique n'était disponible avant le séquençage réalisé dans nos projets. Chez les canards et chez la poule, des puces de génotypage haut-débit ont pu servir de point de départ pour le design d'outils d'assignation.


c - Préservation et conservation de la diversité

Chez la Caille, l'hybridation entre la Caille des blés (*C. coturnix*) et la Caille japonaise (*C. japonica*) a été étudiée sur la base de marqueurs microsatellites (Chazara et al., 2010; Sanchez-Donoso et al., 2014; Smith et al., 2018). Ces travaux ont permis de détecter l'occurrence d'individus hybrides entre les deux espèces à la fois en populations sauvages et captives. Néanmoins, l'utilisation de ces marqueurs microsatellites en faible nombre et préalablement développés pour la Caille japonaise impacte considérablement leur capacité à détecter la présence d'individus dont le niveau d'hybridation est élevé (hybride de 3ème ou 4ème génération). Les travaux menés par le SYSAAF en 2018 ont permis d'une part de sélectionner 96 marqueurs SNP permettant de différencier deux populations de référence de Caille des blés et de Caille japonaise, et d'autre part de développer une méthode statistique exploitant l'information de ces 96 marqueurs dans le but d'assigner des individus de statut inconnu à différentes classes d'hybridation avec une sensibilité plus élevée que celle disponible sur la base des marqueurs microsatellites disponibles.

Pour le suivi de la diversité, une revue d'Araki and Schmid, 2010 illustre le fait que les travaux étudiant l'impact de programmes de restauration écologique n'utilisent les marqueurs microsatellites que depuis le début des années 2000, à l'image de l'article publié par McGinnity et al., 2004. Depuis, une étude d'Horreo et al., 2011 a par exemple montré que le repeuplement de saumon Atlantique mis en place en Espagne du Nord a permis d'augmenter de 10% la taille de leur population. En France, le saumon est depuis 1995 sur la liste des espèces « quasi menacées » d'après l'UICN (Union Internationale pour la Conservation de la Nature) et avait totalement disparu du bassin Garonne-Dordogne vers la fin du XIXème siècle. Le Comité de Gestion des Poissons Migrateurs (COGEPOMI) a été mis en place suite au décret interministériel de 1994. Il s'agit d'une instance de concertation regroupant les différents acteurs (élus, administrations et pêcheurs) concernés par le devenir d'espèces amphihalines telles que le saumon. C'est par ce biais que MIGADO a été chargé de gérer la restauration de la population de saumon en Garonne-Dordogne. En 2006, le projet GENESALM a permis au SYSAAF d'auditer les pratiques de MIGADO en termes de limitation de l'évolution du taux de consanguinité à l'étape de multiplication (passage de la génération F1 des piscicultures à la F2 relâchée dans le milieu naturel), d'amélioration des pratiques de fécondation artificielle et de traçabilité. Pour ce faire et disposer d'un outil de management du programme de restauration, LABOGENA a développé dans le cadre de GENESALM un panel de 9 marqueurs microsatellites pour génotyper et assigner à parenté les saumons. L'accès à ces génotypes permet en outre d'estimer des indicateurs de diversité génétique, tels que le nombre d'allèles, la richesse allélique, l'hétérozygotie attendue et l'hétérozygotie observée ou encore le coefficient de consanguinité. La traçabilité des croisements dans la base de données dédiée Infaqua permet d'avoir connaissance des parents utilisés, et donc d'estimer la taille efficace de la population et la perte de diversité génétique associée (d'après une formule de Chevassus, 1989), ce qui constitue d'autres indicateurs clés pour le monitoring des programmes de repeuplement.

3-3-3 Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques

a - Caractérisation des populations



Les espèces de mollusques sont connues pour être très polymorphes. Ce fort polymorphisme engendre des difficultés pour désigner des outils génomiques fiables, que ce soit des panels d'assignation SNP ou puces génomiques. Des stratégies peuvent être mises en place pour sélectionner des marqueurs dans des zones du génome plus stables (projet ResiPal).

b - Assignation de parenté

Pour les espèces concernées par le développement de panels d'assignation de parenté SNP (poule, faisan, perdrix rouge, perdrix grise, oie, canard commun et canard de Barbarie, palourde, crevette bleue, crevette monodon, turbot), un enjeu majeur des travaux de recherche engagés est l'obtention de taux d'assignation élevés (supérieur à 95%) avec un nombre le plus petit possible de marqueurs afin que le coût de l'analyse permette une utilisation en routine des outils d'assignation 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 oie, canard, faisan et poule se trouvent dans ce cas de figure, or l'optimisation de tels panels requiert généralement plus de marqueurs SNP, du fait du plus grand nombre de parents utilisés par génération pour maximiser la variabilité génétique et la taille efficace (192 SNP utilisés chez le mouton pour de l'assignation dans 30 races françaises, Tortoreau et al. 2017 ; 196 marqueurs chez l'huître creuse (Lapegue et al., 2014).

c - Préservation et conservation de la diversité

Les équipes en charge d'actions de restauration écologique du saumon (MIGADO) exercent un travail de funambule. Elles doivent en effet produire suffisamment de juvéniles pour enrichir le milieu et soutenir la population naturellement présente, sans toutefois « noyer » cette population avec des poissons domestiqués qui seraient passés par des piscicultures (étape de multiplication). Il y a donc besoin d'évaluer le taux de retour des poissons déversés. A ce titre, les empreintes génétiques représentent un outil très informatif, ainsi que pour évaluer la diversité génétique de la population. L'utilisation de cette information génétique se fait en appui avec l'INRAE et le SYSAAF.

3-3-4 Travaux de recherche réalisés, démarche expérimentale

a - Caractérisation des populations

Chez la crevette bleue *Litopenaeus stylirostris* polynésienne, des tests de génotypage ont confirmé la présence et la variabilité des marqueurs initialement développés sur la même espèce en Nouvelle-Calédonie. Les discussions sont en cours pour valider le partage de l'outil. Des échantillons ont été prélevés au cours de l'année 2020 parmi les cohortes de production à Tahiti et dans les populations sauvages du Mexique en prévision d'une analyse de variabilité génétique de la souche polynésienne. Le génotypage de ces échantillons et leur analyse sont prévus sur l'année 2021.

Chez la truite (SG-Truite), une étude de la diversité basée sur les ROH (run of homozygosity) a été réalisée en utilisant les 38 350 SNPs fiables de la puce 57K. Les résultats montrent une différenciation génétique modérée entre les populations des sélectionneurs (FST variant de 0,08 à 0,15). Le déséquilibre de liaison décline rapidement dans les premiers 100 kb, mais se maintient à longue distance (> 1 Mb). L'effectif efficace varie entre 24 et 68 selon la méthode utilisée. La consanguinité calculée à partir des ROHs (Figure 445) varie de 10% pour une lignée expérimentale à 20,5% pour une lignée sélectionnée, ce qui est clairement supérieur aux estimations chez les ruminants et les porcs. Pour deux lignées sélectionnées avec des données sur les dernières générations, le taux d'augmentation de la consanguinité est inférieur à 1% par génération, et la corrélation est forte (>0,78) pour l'occurrence des mêmes SNPs dans un ROH d'une génération à une autre. Une forte variation du DL et des ROHs est observée le long du génome. Cela pourrait être lié à des taux de recombinaisons locaux différents et/ou à des variants sélectionnés pour des gènes clés pour la domestication ou pour la production. La consanguinité des lignées françaises est modérée à forte. Cela est dû à plusieurs facteurs, en particulier des effets fondateurs à la création des lignées, mais aussi à des succès reproducteurs différents ainsi qu'à la sélection.

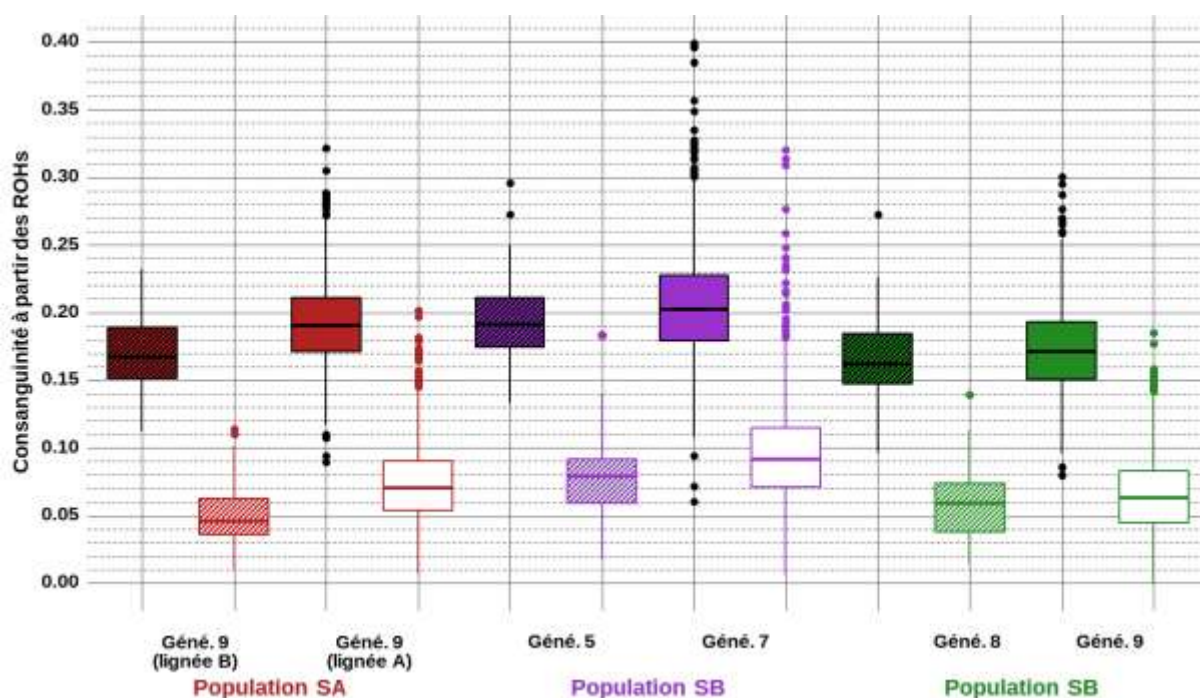


Figure 45 : Boîtes à moustaches de la consanguinité totale (FROH, boîtes à moustaches pleines) et de la consanguinité récente (FROH>10Mb, boîtes à moustaches transparentes) pour les cohortes étudiées dans le projet 57K-Truite (boîtes à moustaches hachurées) et SG-Truite (boîtes à moustaches non hachurées).

b - Assignment de parenté

Chez la crevette bleue, les premiers tests effectués ont confirmé une variabilité importante dans la population de crevette de Polynésie des marqueurs du panel d'assignation de 413 SNPs développé en 2016 à partir des ressources génétiques de la population de Nouvelle-Calédonie. Les modalités techniques, administratives et financières de transfert de l'utilisation du panel de la Nouvelle Calédonie à la Polynésie sont en cours de finalisation. Des familles ont été produites à partir des ressources génétiques polynésiennes pour valider la possibilité de reconstituer les familles grâce à ce jeu de marqueurs. Il est ensuite prévu d'utiliser ce panel à plus grande échelle dans une étude de paramètres génétiques pour reconstituer le pedigree de 4000 crevettes.

Chez la palourde japonaise *Ruditapes philippinarum* (Vivaldi/ResiPal), la détection de nouveaux SNPs candidats a été réalisée à partir d'un jeu de données de séquençage RNAseq en collaboration avec l'Université de Bretagne Occidentale et l'Université de Padoue. 480 SNPs placés sur puce Kaspar ont été testés sur 95 individus au pedigree connu (trio père-mère-descendants). L'analyse des résultats de génotypage a permis de trier les marqueurs sur des critères qualité de génotypage, de call-rate et de polymorphisme. Le taux d'erreurs mendéliennes a été estimé sur la base de la connaissance des trios père-mère-descendants des 9 familles de pleins-frères dont nous disposons (Figure 4). Quatre-vingt-seize SNPs ont pu être extraits des 480 marqueurs candidats, assurant un taux d'assignation de 100% pour les 9 familles de pedigree connu utilisées.

Nombre d'erreur mendélienne par famille

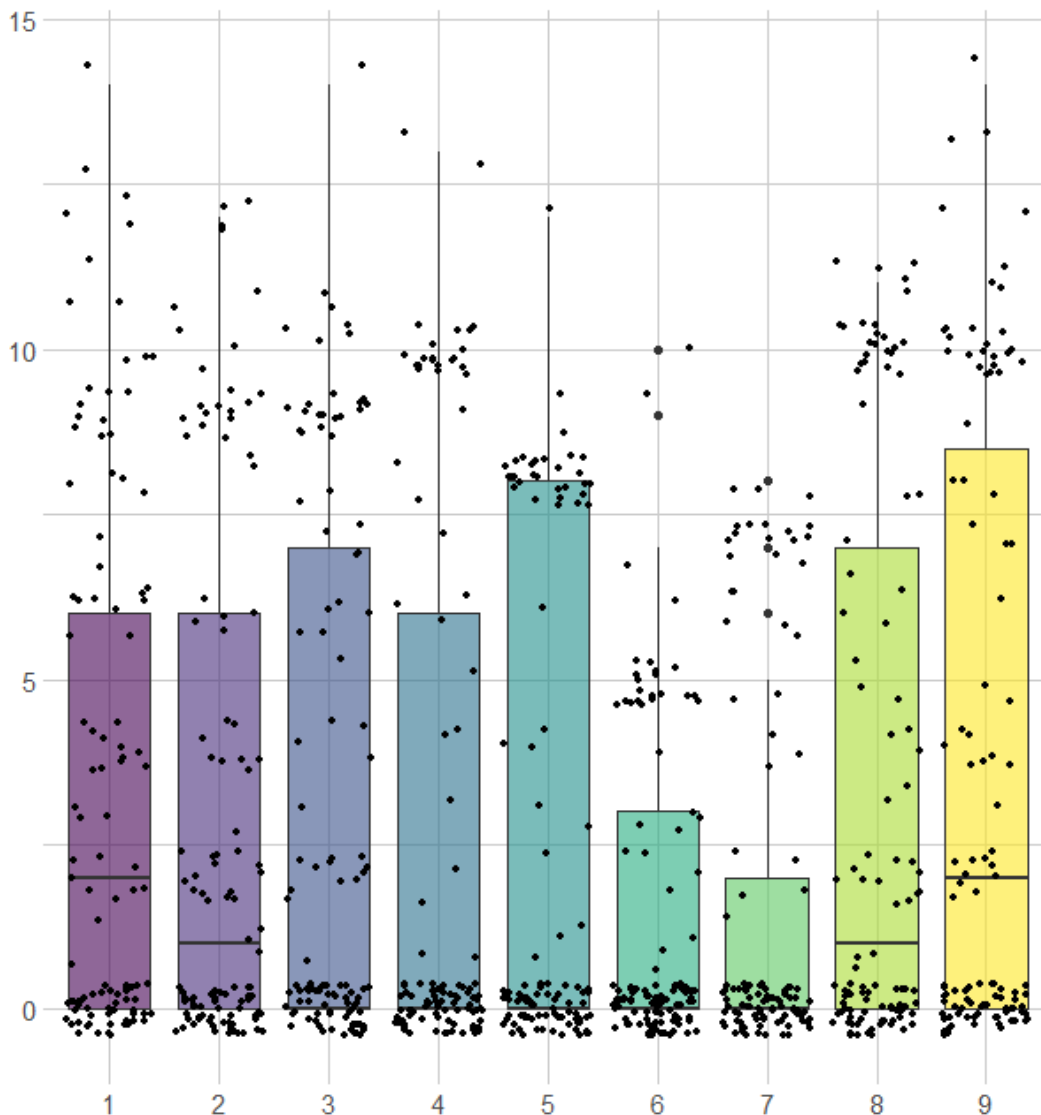


Figure 46 : Nombre d'erreurs mendéliennes dans chacune des 9 familles

Chez le turbot (Turboost), France Turbot Ichthus disposait de ressources génomiques de type RAD-Seq pouvant servir de base à l'établissement d'un panel d'assignation de parenté. Au cours de l'année 2019, le SYSAAF avait choisi parmi les 5672 SNPs répartis sur 3545 locus RAD, un sous-ensemble d'environ 500 SNPs. Ce sous ensemble devait respecter les critères suivants : avoir de part et d'autre du SNP 50 paires de bases non-variables, et être répartis sur l'ensemble des 40 groupes de liaison identifiés. De ce sous ensemble, 288 ont été testés en 2020, dans l'objectif de retenir un panel final de 96 SNPs. Ainsi, 95 individus de pedigree connu ont été génotypés aux 288 marqueurs du pré-panel (technologie Kaspar). Les résultats du génotypage de ces 95 individus aux 288 marqueurs ont permis d'en éliminer sur des critères de qualité de génotypage : seuls les marqueurs polymorphes (c'est-à-dire informatifs pour procéder à des assignations de parenté) et de bonne qualité de génotypage ont été retenus (Figure 47, gauche). Les marqueurs de bonne qualité mais monomorphes ont été écartés (Figure 448, centre), ainsi que les marqueurs qui techniquement sont mal génotypés (Figure 49, droite). En plus de critères de qualité de génotypage et de pertinence des marqueurs retenus en termes de fréquences alléliques, la connaissance de la filiation des individus génotypés sur ces 288 SNPs ainsi que leurs parents a permis de mettre en évidence des erreurs de transmission mendéliennes de certains marqueurs (en s'assurant que les génotypes des descendants soient compatibles avec les génotypes de leurs parents), et donc de les exclure du panel final.

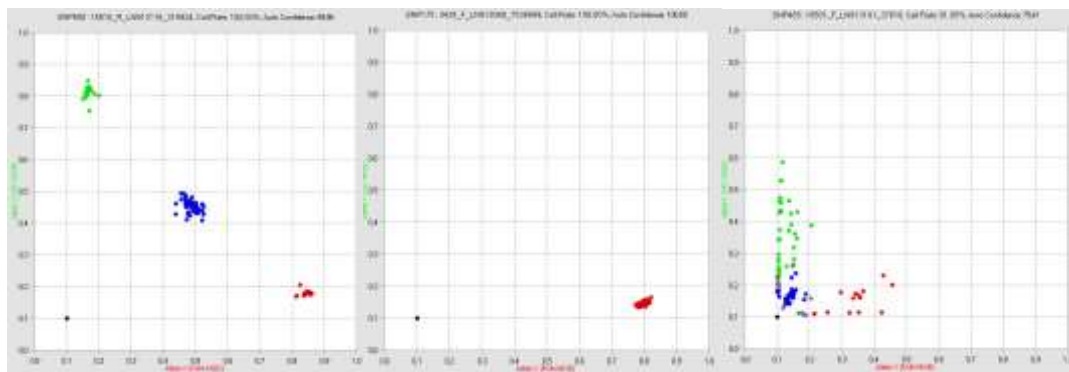


Figure 47 : Exemples de graphiques de résultats de fluorescence pour trois marqueurs SNP

Une fois le panel final constitué avec les 96 meilleurs SNPs pour l'assignation des turbots, sa puissance théorique d'assignation a été testée en se basant sur des résultats de probabilité d'exclusion des individus aux différents couples parentaux théoriques possibles.

La Figure 18 illustre l'évolution du taux d'assignation théorique en fonction du nombre de parents. Pour un plan de croisement correspondant à la réalité d'un schéma de sélection turbot comprenant 15 mères et 45 pères, on peut s'attendre à assigner 99,9% des animaux. Le panel est donc opérationnel pour 2021, année où les premières « vraies » assignations devront être réalisées.

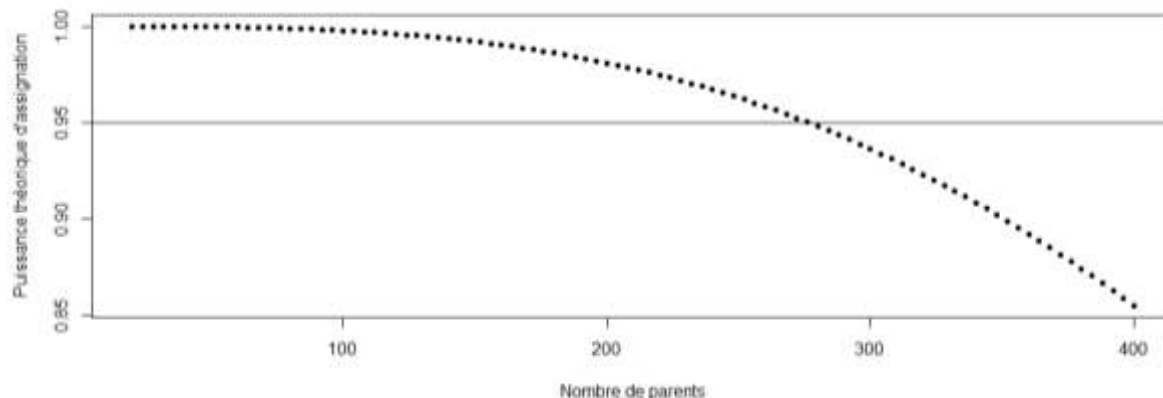


Figure 19 : Puissance théorique d'assignation du panel 96 SNPs turbot en fonction du nombre de parents

Chez la crevette *Penaeus Monodon* (OSO), 576 SNPs ont été choisis de la base de données de Baranski et al., 2014, et 96 de la base Guo et al., 2019. Les critères de choix ont été : la présence de zones flanquantes suffisantes autour du SNP (50 paires de bases de chaque côté), et absence d'autres SNPs dans ces zones flanquantes, puis une sélection au hasard parmi les SNPs passant ces critères. Ces SNPs ont ensuite été génotypés sur 95 individus au pedigree connu (trio père-mère-descendants), issus de 8 familles OSO à la fécondation contrôlée et élevées séparément, spécialement pour ce projet. Les critères pour juger de la qualité d'un SNPs ont été les suivants : qualité du signal de génotypage, polymorphisme des marqueurs, taux de génotypage, erreurs mendéliennes (incompatibilités parents-descendants). Les résultats des tests des marqueurs s'avèrent insuffisants pour les besoins d'OSO, les marqueurs fonctionnants n'étant pas assez nombreux pour un panel suffisamment efficace. Les ressources disponibles dans les bases de données publiques ayant toutes été testées, il est maintenant nécessaire de développer des ressources génomiques propres. La prochaine étape du projet sera donc de séquencer des génomes entiers de crevettes OSO, afin de s'assurer de disposer de SNPs directement sur la population d'intérêt.

En 2019, dans le programme SNPoie, un panel d'assignation de parenté performant avait été développé sur des lignées d'oies Grimaud Frères. En 2020, un panel adapté a été développé sur pour Orvia à partir des 288 marqueurs du projet. Les données de génotypage ont été filtrées sur leur qualité : seuls les individus et les marqueurs présentant moins de 10% de données manquantes ont été conservés pour l'analyse. Les SNP ont également été filtrés sur les erreurs de transmission mendélienne dans lesquelles ils étaient impliqués. A l'issue de ces filtres, il restait 159 SNP. Des panels ont été constitués in silico en faisant varier le nombre de marqueurs (48, 96 ou 159) et les seuils de MAF (pas de filtre, > 0.15, > 0.20, > 0.25). Des tests d'assignation

de parenté ont été réalisés sur les trios avec ces panels, en utilisant le logiciel APIS (Griot et al., 2019). La Figure 50 montre les résultats obtenus sur une lignée, où l'on constate qu'à partir de 96 marqueurs SNP dans le panel, il est possible d'assigner correctement tous les oisons, quel que soit le filtre appliqué sur la MAF des SNP.

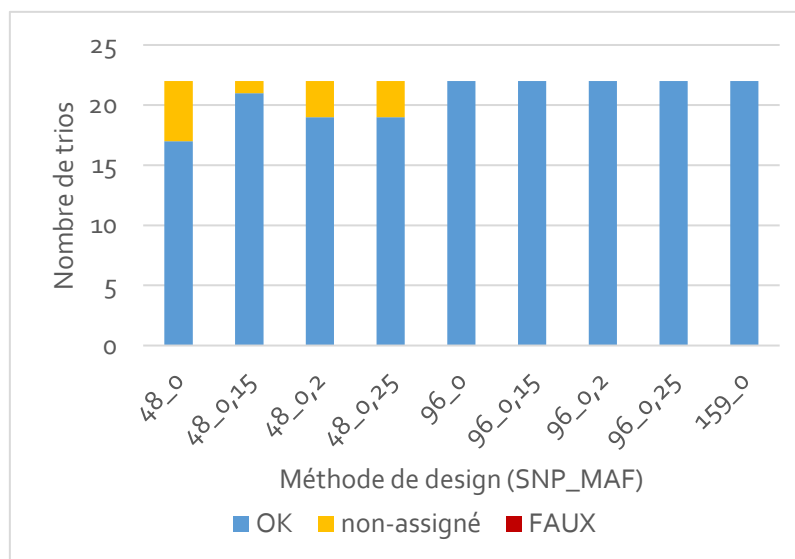



Figure 50 : Nombre d'oisons correctement assignés ou non-assignés dans une lignée d'oies, avec des puces de 48, 96 ou 159 marqueurs, et des seuils sur la MAF fixés à 0, 0,15, 0,20 et 0,25.

Chez le Faisan (FaisSigne), le développement du panel d'assignation de parenté s'est poursuivi fin 2019 avec le génotypage de 288 SNPs sur 380 individus fournis par Gen'Ethic. Les résultats ont été analysés en 2020. Les échantillons ont été choisis parmi 6 populations, dont 2 lignées dans lesquelles des trios père-mère-descendants avaient été constitués. Les données ont été filtrées sur leur qualité afin de ne garder que les SNP et les échantillons présentant moins de 5% de données manquantes, et d'éliminer les marqueurs présentant des incompatibilités mendéliennes. Les marqueurs ont aussi été filtrés intra-population sur le respect de l'équilibre d'Hardy-Weinberg. A l'issue de ces filtres, 388 individus et 213 SNP ont été conservés. La MAF a ensuite été calculée pour chaque SNP intra-population, et une MAF moyenne par SNP a été obtenue. Les marqueurs ont été classés sur ce critères de MAF moyenne. Les 96 meilleurs SNP ont été testés en assignation sur les trios présents dans les données, en utilisant le logiciel d'Assignation APIS (Griot et al., 2019). Tous les descendants ont été correctement assignés. Des tests d'assignation ont également été réalisés en supprimant certains parents du jeu de données. Dans ce cas, malgré la présence d'animaux génétiquement proche des parents supprimés (plein-frères), aucun parent n'est proposé, ce qui est conforme au résultats attendu (Tableau 99).

Tableau 9 : Résultats d'assignation obtenus dans une lignée de faisans, avec des trios complets, et en supprimant des parents du jeu de données

Caractéristiques du jeu de données	Nombre de descendants (assignables)	Nombre de descendants assignés	Nombre d'assignations cohérentes avec le pedigree	Nombre d'assignations fausses
96 SNP, trios complets	25 (25)	25	25	0
96 SNP, suppression pères	25 (18)	18	18	0
96 SNP, suppression mères	25 (22)	22	22	0

Pour la perdrix grise (*Perdix perdix*) et la perdrix rouge (*Alectoris rufa*), des ressources génomiques avaient été produites suivant la même méthode que celle utilisée dans FaisSigne. Dans l'objectif de gestion génétique de ces populations, les accouplements sont maîtrisés grâce à un élevage en cage des couples de perdrix, mais ce mode d'élevage ne répond plus aux attentes sociétales. Fin 2020, le projet RufAssign a été monté et soumis à la région des Pays de la Loire afin de développer des panels d'assignation de parenté pour ces deux espèces



et de rendre possible leur suivi pedigree avec une reproduction en volières. RufAssign prévoit une phase de mise en œuvre des panels afin d'étudier le comportement reproducteur de perdrix élevées en groupe. Le projet a été accepté, les résultats concernant les perdrix rouges seront produits en 2021.

Chez le canard, à l'issue du programme CanArray, il avait été démontré *in silico* qu'un même panel de 96 marqueurs SNP pouvaient permettre de réaliser l'assignation de parenté du canard Pékin, du canard de Barbarie, et de leur hybride mulard. Le SYSAAF a été sollicité par l'INRAE afin de développer un tel outil : en raison de la pandémie de Covid19, l'enregistrement du pedigree de plusieurs lots de canards de lignées expérimentales n'a pas pu être réalisé. L'assignation de parenté est le seul moyen d'obtenir le pedigree de ces animaux, qui est indispensable pour mener à terme le programme de recherche basé sur ces lignées. Le projet AsparCan a été monté en 2020 afin de répondre à ce besoin et a été accepté (financement crédit incitatif du département INRAE Génétique Animale). Le choix des marqueurs SNP pour le design du panel est prévu en 2021.

Toujours chez le canard, dans le cadre du projet PalmiP, la gestion génétique de deux races locales de canard commun nécessite l'utilisation de méthodes d'assignation de parenté. Les deux races en question sont le canard de Duclair et le canard de Rouen. En 2020, les contacts ont été pris et un planning d'échantillonnage d'individus de ces deux races a été établi. Ces individus seront génotypés dans le premier trimestre 2021 sur la puce 600K développée dans le cadre du projet CanArray afin de définir le set de marqueurs le plus pertinent pour effectuer de l'assignation de parenté chez ces deux races. Si cela est possible malgré des fonds génétiques différents entre lignées commerciales et races locales, le panel PalmiP sera mis au point conjointement avec le panel AsparCan afin de mutualiser les développements.

Dans le cadre de la collaboration débutée en 2019 avec l'Association pour la sauvegarde et la valorisation de la Poule Noire de Challans, il a été convenu un plan d'action visant à permettre une gestion rationnelle de la diversité génétique au sein de la race. A l'heure actuelle, les informations généalogiques concernant les animaux sont trop parcellaires pour permettre la mise en place d'un schéma de gestion fonctionnel. Une puce d'assignation de parenté de 96 marqueurs a été sélectionnée parmi celles simulées l'année dernière dans le cadre du projet RefGenDivA. L'utilisation de cette puce permettra de répondre à deux objectifs successifs. Premièrement, elle permettra de définir une structure de parquet pour les animaux de la génération en cours afin de maximiser la distance génétique entre individus accouplés. Deuxièmement, la puce permettra d'assigner la parenté des individus produits au cours des prochaines générations. Afin de remplir le premier objectif, une première campagne d'échantillonnage de rémiges en vue d'une extraction d'ADN a été menée. Les quantités produites d'ADN se sont révélées insuffisantes pour permettre une amplification. Une nouvelle campagne d'échantillonnage de crêtes est programmée dans les tous premiers jours de 2021. En parallèle, la définition de parquets de reproducteurs se basant sur la seule information de distance génétique entre individus a nécessité la production d'un algorithme d'optimisation basé sur le recuit-simulé. Celui-ci a été codé sur R et donne des résultats concluants sur la base de données simulées (Figure 21).

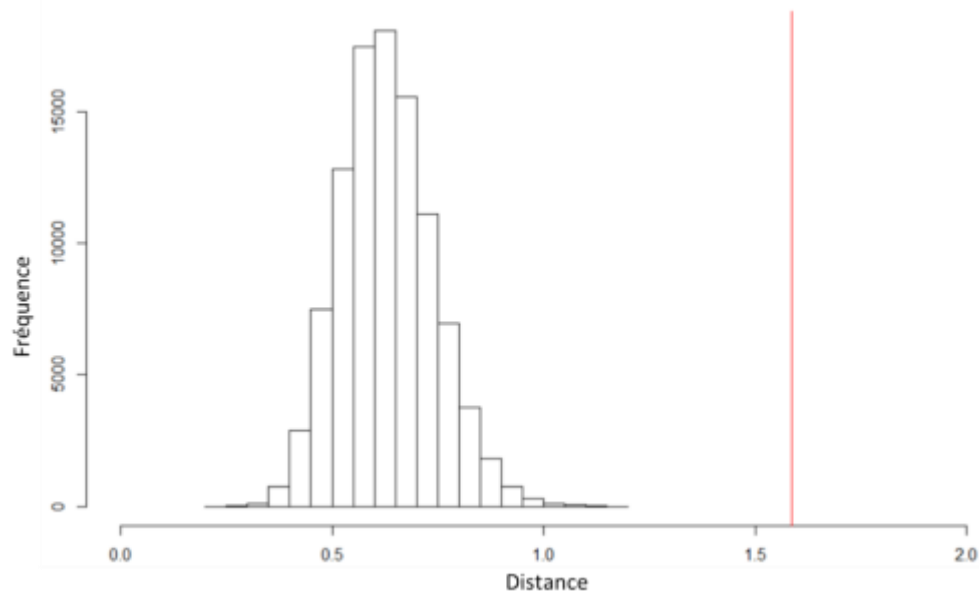
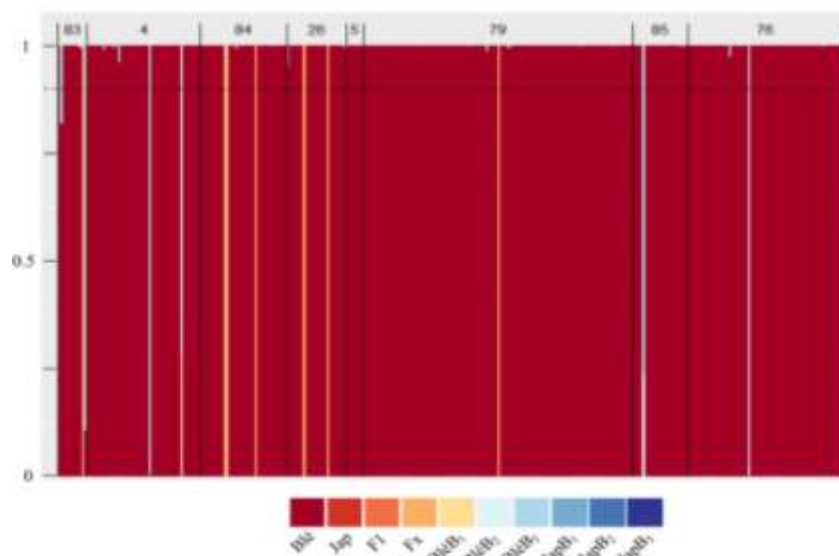


Figure 21 : Distribution de la distance moyenne interindividuelle basée sur 100 000 tirages de 10 individus parmi 100. La ligne rouge représente la distance moyenne interindividuelle obtenue dans la combinaison de 10 individus identifiés par le programme de recuit-simulé.

c – Préservation et conservation de la diversité

Dans le cadre du projet Caill’où en collaboration avec l’ONCFS, les échantillons récoltés en 2019 ont été analysés. Pour rappel, il s’agissait de 339 échantillons de Cailles récupérés dans 8 départements Français le long d’un gradient Sud-Nord. L’ADN de chacun de ces échantillons a été extrait par la plateforme Gentyane. Les 96 marqueurs permettant l’identification d’hybrides entre les deux espèces *Coturnix coturnix* et *Coturnix japonica* ont été utilisés pour le génotypage. Après plusieurs filtres portant sur la qualité du génotypage, l’analyse s’est portée sur 326 individus à 91 marqueurs. Parmi ces 326 individus, 13 présentaient des traces d’hybridation entre les deux espèces (Figure 2). Dix d’entre eux proviennent des populations échantillonnées dans le Sud-Est de la France. Ces résultats ont été rassemblés dans un rapport remis à l’ONCFS, partenaire du projet. L’objectif pour 2021 est maintenant de valoriser l’ensemble des résultats obtenus dans les projets Hybridation Caille et Caill’où par une publication dans une revue scientifique à comité de lecture.

Figure 52 : Graphique représentant les probabilités d’assignation aux différentes catégories d’hybrides



(n=326). Chaque barre verticale représente un individu. Pour chaque individu, la probabilité d’assignation à

une catégorie donnée est indiquée par la couleur de la barre verticale. La ligne horizontale en pointillé représente le seuil d'assignation placé à 0.9 dans cette étude.

Chez la perdrix rouge l'hybridation avec la perdrix Choukar n'est pas souhaité pour les animaux destinés au marché espagnol. Dans le cadre du projet RufAssign déposé en 2020, des travaux de R&D seront réalisés afin d'inclure des marqueurs de l'hybridation au panel d'assignation de parenté.

Concernant le saumon, l'analyse rétrospective de l'action de repeuplement de MIGADO a nécessité 6 mois de travail à temps plein. Il a fallu tout d'abord récupérer l'ensemble des génotypes aux 9 marqueurs microsatellites pour l'ensemble des saumons prélevés depuis 2008, soit plus de 10 000 individus. Ensuite, la base de données de MIGADO (Infaqua) a permis d'identifier quels saumons étaient des individus capturés lors de leur remontée vers les frayères (dits « sauvages F0 ») et quels saumons étaient des individus de piscicultures de multiplication (dits « F1 de cheptel enfermé »). Parmi les sauvages F0, certains sont relâchés dans le milieu naturel, et une petite proportion est acheminée au centre de reconditionnement de Bergerac afin de renouveler le « cheptel enfermé F0 » qui sert à produire la génération F1 directement issue de poissons « sauvages ». Ces F1 sont majoritairement déversés directement dans les rivières (essentiellement au stade alevin, un peu au stade œuf embryonné, et aussi au stade smolt), mais une partie sert à alimenter les piscicultures de multiplication jusqu'à atteindre l'âge de la reproduction et entrer dans le « cheptel enfermé F1 » qui produira la génération suivante F2. Cette génération F2 est intégralement relâchée dans le milieu naturel. Ainsi, un saumon sauvage F0 qui est génotypé peut être assigné à un couple parental du cheptel enfermé F0 (on sait alors qu'il s'agit d'un individu F1 directement issu du programme de restauration), à un couple parental du cheptel enfermé F1 (on sait alors qu'il s'agit d'un individu F2 issu de l'étape de multiplication du programme de restauration), ou ne pas être assigné (on sait alors qu'il s'agit d'un individu né dans le milieu naturel de parents inconnus). On a ainsi pu déterminer que depuis 2012, la proportion de saumons issus de « sauvages » est restée stable sur l'ensemble du bassin (autours de 35%), à l'exception d'une augmentation de la proportion « sauvage » dans la Garonne en 2019. Les années à venir nous permettront de savoir si cette tendance se confirme. En outre, les indicateurs de diversité génétique ont été calculés (Figure 53). Ils montrent que la richesse allélique et l'hétérozygotie attendue restent stables au fil des ans, que ce soit au niveau du cheptel F0 et F1 ou des saumons capturés « sauvages », F1 ou F2. Il n'y aurait donc pas de perte de variabilité génétique à l'échelle de la population du bassin Garonne-Dordogne. Cependant, une augmentation de consanguinité a été observée au sein du cheptel F1 due au fait qu'ils proviennent de F0 capturés (c'est-à-dire d'un faible pool parental puisqu'on ne peut pas retenir tous les saumons qui remontent vers les frayères). Toutefois, on note aussi une augmentation de la taille efficace au sein du cheptel F0 sur les dernières années de l'étude, signe que les bonnes pratiques de repeuplement évoluent dans le bon sens.

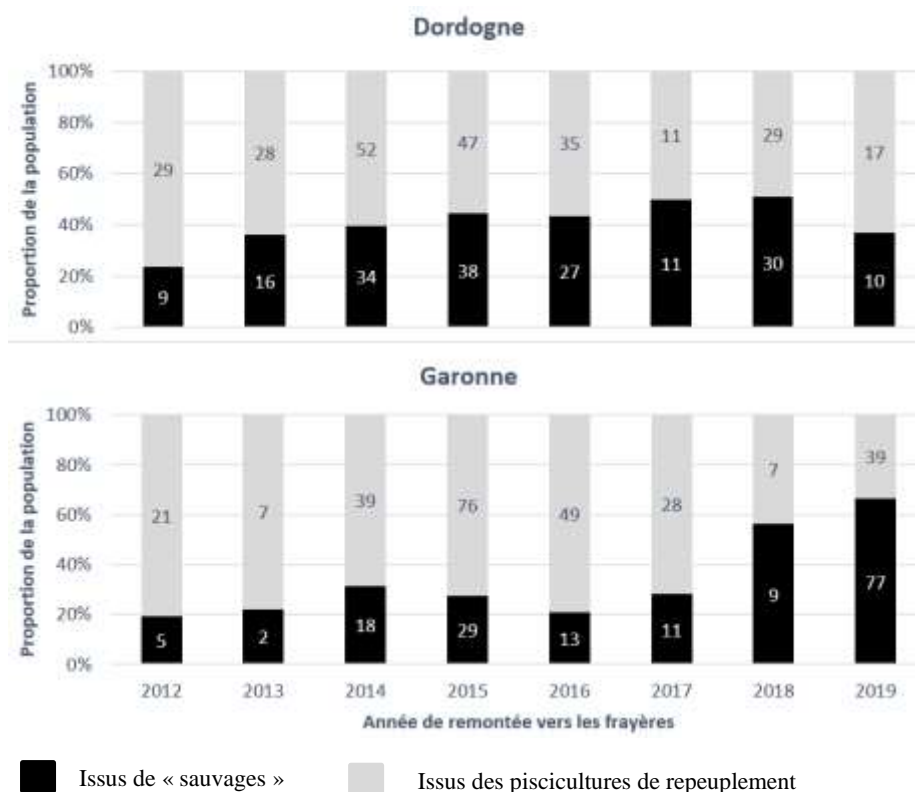


Figure 53 : Assignment des saumons remontant vers les frayères, soit à des saumons sauvages, soit à des saumons des piscicultures de repeuplement (en proportion par année de retour aux frayères, intra-bassin). Les nombres sur les barres indiquent les effectifs absolus

Dans le projet Chimères, des PGCs (Primordial Germ Cells) provenant de la race Noire du Berry ont été injectées dans des embryons receveurs de la race Rhode-Island (Figure 54). Ces individus chimères ont ensuite été croisés avec des individus Rhode-Island. L'hypothèse étant que si les PGCs injectées ont abouti à la formation de cellules germinales fonctionnelles, des individus hybrides entre la race Noire du Berry et Rhode Island devrait être produits lors de ces croisements. Pour s'assurer du succès de cette expérience, il faut donc utiliser des marqueurs permettant de détecter la présence d'hybrides entre les deux races en question. Quatre-vingt-seize marqueurs issus du projet RefGenDivA ont donc été sélectionnés sur la base de leur fréquence allélique estimées dans des populations de référence de Rhode-Island et de Noire du Berry. La plupart de ces marqueurs n'étant pas diagnostics de l'une ou l'autre race, il a donc été décidé qu'une approche probabiliste de détection d'hybride tel que celle implémentée dans le logiciel BTH développé dans le projet Hybridation Caille serait utilisée. L'ADN issus d'individus d'intérêts a été transféré à la plateforme Gentyane pour amplification sur les 96 marqueurs désignés préalablement. Un problème technique émanant de la puce KASPar n'a pas permis d'obtenir de fichier de génotypage exploitable à la date du 31 Décembre 2020. Ces résultats seront produits au cours du premier trimestre 2021.

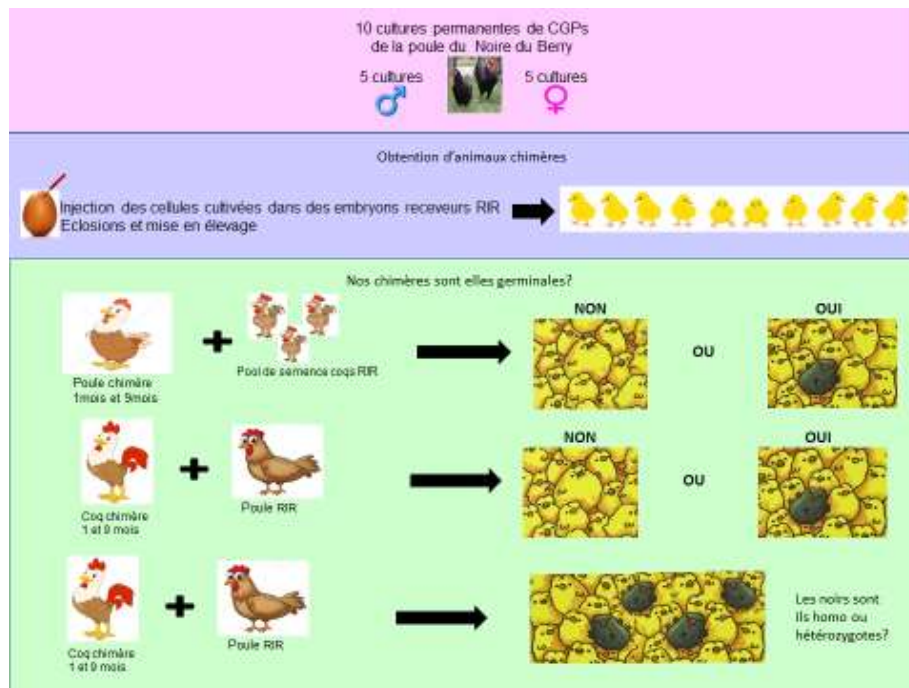



Figure 54 : Schéma expérimental du projet Chimère (avec la permission de Sabine Alves de l'équipe PRC)

3-3-5 Références bibliographiques citées pour l'axe 2A

- Araki, H., Schmid, C., 2010. Is hatchery stocking a help or harm?: Evidence, limitations and future directions in ecological and genetic surveys. *Aquaculture, Supplement: Genetics in Aquaculture X* 308, S2–S11. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2010.05.036>
- Baranski, M., Gopikrishna, G., Robinson, N.A., Katneni, V.K., Shekhar, M.S., Shanmugakarthik, J., Jothivel, S., Gopal, C., Ravichandran, P., Kent, M., Arnyasi, M., Ponniah, A.G., 2014. The Development of a High Density Linkage Map for Black Tiger Shrimp (*Penaeus monodon*) Based on cSNPs. *PLOS ONE* 9, e85413. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0085413>
- Chazara, O., Minvielle, F., Roux, D., Bed'hom, B., Feve, K., Coville, J.-L., Kayang, B.B., Lumineau, S., Vignal, A., Boutin, J.-M., Rognon, X., 2010. Evidence for introgressive hybridization of wild common quail (*Coturnix coturnix*) by domesticated Japanese quail (*Coturnix japonica*) in France. *Conservation Genetics* 11, 1051–1062. <https://doi.org/10.1007/s10592-009-9951-8>
- Chevassus, B., 1989. Aspects génétiques de la constitution de populations d'élevage destinées au repeuplement. *Bull. Fr. Pêche Piscic.* 146–168. <https://doi.org/10.1051/kmae:1989010>
- Engelsma, K. a., Veerkamp, R. f., Calus, M. p. l., Bijma, P., Windig, J. j., 2012. Pedigree- and marker-based methods in the estimation of genetic diversity in small groups of Holstein cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 129, 195–205. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2012.00987.x>
- Griot, R., Allal, F., Brard-Fudulea, S., Morvezen, R., Haffray, P., Phocas, F., Vandeputte, M., 2019. APIS: An auto-adaptive parentage inference software that tolerates missing parents. *Mol Ecol Resour.* <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13103>
- Guo, L., Xu, Y.-H., Zhang, N., Zhou, F.-L., Huang, J.-H., Liu, B.-S., Jiang, S.-G., Zhang, D.-C., 2019. A High-Density Genetic Linkage Map and QTL Mapping for Sex in Black Tiger Shrimp (*Penaeus monodon*). *Front Genet* 10, 326. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00326>
- Horreo, J.L., Hoz, J.D.L., Machado-Schiaffino, G., Pola, I.G., Garcia-Vazquez, E., 2011. Restoration and enhancement of Atlantic salmon populations: what we have learned from North Iberian rivers. *Knowl. Managt. Aquatic Ecosyst.* 23. <https://doi.org/10.1051/kmae/2011079>
- Liu, S., Palti, Y., Gao, G., Rexroad III, C.E., 2016. Development and validation of a SNP panel for parentage assignment in rainbow trout. *Aquaculture* 452, 178–182. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2015.11.001>
- McGinnity, P., Prodöhl, P., Maoiléidigh, N.Ó., Hynes, R., Cotter, D., Baker, N., O'Hea, B., Ferguson, A., 2004. Differential lifetime success and performance of native and non-native Atlantic salmon examined under communal natural conditions. *Journal of Fish Biology* 65, 173–187. <https://doi.org/10.1111/j.0022-1112.2004.00557.x>
- Prieur, V., Clarke, S.M., Brito, L.F., McEwan, J.C., Lee, M.A., Brauning, R., Dodds, K.G., Auvray, B., 2017. Estimation of linkage disequilibrium and effective population size in New Zealand sheep using three different methods to create genetic maps. *BMC Genet.* 18, 68. <https://doi.org/10.1186/s12863-017-0534-2>
- Sanchez-Donoso, I., Huisman, J., Echegaray, J., Puigcerver, M., RodrÃ-guez-Teijeiro, J.D., Hailer, F., VilÃ , C., 2014. Detecting slow introgression of invasive alleles in an extensively restocked game bird. *Frontiers in Ecology and Evolution* 2, 15. <https://doi.org/10.3389/fevo.2014.00015>
- Smith, S., Fusani, L., Boglarka, B., Sanchez-Donoso, I., Marasco, V., 2018. Lack of introgression of Japanese quail in a captive population of common quail. *European Journal of Wildlife Research* 64, 51. <https://doi.org/10.1007/s10344-018-1209-7>
- Toro, M.A., Fernández, J., Caballero, A., 2009. Molecular characterization of breeds and its use in conservation. *Livestock Science, Special Issue: Animal Genetic Resources* 120, 174–195. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.07.003>
- Tortereau, F., Moreno, C.R., Tosser-Klopp, G., Servin, B., Raoul, J., 2017. Development of a SNP panel dedicated to parentage assignment in French sheep populations. *BMC Genet.* 18, 50. <https://doi.org/10.1186/s12863-017-0518-2>
- Vandeputte, M., 2012. An accurate formula to calculate exclusion power of marker sets in parentage assignment. *Genet Sel Evol* 44, 36. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-44-36>



Vandeputte, M., Haffray, P., 2014. Parentage assignment with genomic markers: a major advance for understanding and exploiting genetic variation of quantitative traits in farmed aquatic animals. *Front Genet* 5. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00432>

Viale, E., Zanetti, E., Özdemir, D., Broccanello, C., Dalmaso, A., De Marchi, M., Cassandro, M., 2017. Development and validation of a novel SNP panel for the genetic characterization of Italian chicken breeds by next-generation sequencing discovery and array genotyping. *Poult. Sci.* 96, 3858–3866. <https://doi.org/10.3382/ps/pex238>

Villanueva, B., Verspoor, E., Visscher, P.M., 2002. Parental assignment in fish using microsatellite genetic markers with finite numbers of parents and offspring. *Animal Genetics* 33, 33–41. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.2002.00804.x>

Yan, X., Nie, H., Huo, Z., Ding, J., Li, Z., Yan, L., Jiang, L., Mu, Z., Wang, H., Meng, X., Chen, P., Zhou, M., Rbbani, Md.G., Liu, G., Li, D., 2019. Clam Genome Sequence Clarifies the Molecular Basis of Its Benthic Adaptation and Extraordinary Shell Color Diversity. *iScience* 19, 1225–1237. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2019.08.049>

3-3-6 Acquisition des connaissances

Chez la crevette bleue, les premières étapes du transfert du panel d'assignation désigné à partir de la population de crevette bleue de Nouvelle-Calédonie pour une utilisation sur la population polynésienne ont permis de vérifier la conservation et la variabilité de la majorité des marqueurs malgré 50 années de divergence génétique entre les deux populations. Chez la truite, l'analyse de la diversité basée sur les ROH constitue une première pour l'aquaculture, permettant de montrer la puissance de cet outil tant pour apprécier finement le niveau de consanguinité que pour identifier des zones du génome associées aux processus de domestication et sélection. Les résultats obtenus sur la truite suggèrent qu'il pourrait être judicieux d'envisager une gestion de la consanguinité à l'échelle du génome, pour améliorer la gestion de la diversité génétique dans les lignées.

Chez la palourde japonaise, l'oie et le faisan, des panels d'assignation de parenté de 96 SNP ont été développés et sont opérationnels. Les premières assignations de parenté de routine chez l'oie ont permis d'obtenir de très bon taux d'assignation, autour 95%. Chez le faisan, le panel n'a pas encore été testé en routine, cependant les tests réalisés *in silico* suggèrent que le panel serait suffisamment puissant pour faire du contrôle de filiation. Chez la poule Noire de Challans, la méthode de constitution des parquets de reproducteurs développée pour répondre aux besoins de cette race devrait pouvoir être généralisée à d'autres races et espèces.

L'étude rétrospective fine des données de MIGADO des dix dernières années a permis de conforter cet adhérent dans sa gestion du repeuplement du saumon Atlantique, mais aussi d'envisager de nouvelles pistes de travail pour améliorer encore l'efficacité du programme, avec les conseils et le soutien du SYSAAF. Par exemple, il s'agirait de continuer à privilégier les déversements d'alevins plutôt qu'œufs et smolt (le stade alevin générant proportionnellement plus de retour de saumon adultes, ou tels que renouveler encore plus et plus vite le cheptel F0 dans la mesure du possible.

3-4 Utilisation d'outils de géotypage haut débit spécifiques pour la sélectionner de populations avicoles et aquacoles

(Thématique 2, Actions 2 & 4)

3-4-1 Objectifs du projet

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 géotypage sont devenues envisageables 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. Dans le cadre de programmes de R&D, les espèces concernées ou candidates pour le test et/ou l'utilisation de SAM (Sélection Assistée par Marqueurs) ou de sélection génomique sont la truite (SG-Truite, Omega-Truite), le bar (GeneSea, AqualImpact, PerformFish), la daurade (GeneSea, PerformFish, AqualImpact), l'esturgeon (SiberSex, SSTURGEON), et l'huitre (Quality-Huitre). La mise en œuvre de la sélection (qu'elle soit classique ou génomique) doit aboutir à une évolution du niveau génétique de la population, se répercutant sur les phénotypes des animaux. Les projets AqualImpact et MedMax ont entre autres pour objectif de vérifier de façon empirique le progrès génétique réalisé chez la truite et chez le bar. Dans ce contexte, des travaux de R&D interne sont également réalisés au sein de la Transversalité Développements Génomique et de la Transversalité Evaluation Génétique, afin de faire évoluer les outils de traitement des données qui sont ensuite utilisés pour les traitements de routine, mais également dans des contextes R&D (QuailHeatE). Pour les espèces entomocoles nouvellement traitées au SYSAAF, le 1er enjeu est de mettre en place des schémas de sélection adaptés aux contraintes et aux atouts biologiques de ces nouvelles espèces : des travaux de R&D ont été réalisés en ce sens chez la mouche soldat noire avec Agronutris d'une part, et InnovaFeed d'autre part.


Pour certaines de ces espèces traitées au SYSAAF, les outils de géotypage à haut-débit ne sont pas disponibles, ou bien leur densité n'est pas adaptée pour une utilisation en routine. L'une des missions 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 sélection génomique. Le SYSAAF est impliqué dans des projets visant à obtenir de l'information sur les génomes en espèces aquacoles (AQUA-FAANG) et avicoles (SeqOccln – poule et caille). Plus spécifiquement, deux projets sont dédiés aux esturgeons qui ne disposent pas d'outils de géotypage (SiberSex, SSTURGEON). Chez d'autres espèces aquacoles et avicoles, des outils de géotypage haut débit sont disponibles, mais ces outils pourraient être optimisés en réduisant le nombre de marqueurs, ce qui réduira leur coût tout en limitant la perte en précision de la sélection génomique. Deux actions de R&D ont été menées pour produire des outils optimisés en espèces aquacoles (MultiPass), ainsi que sur une espèce traitée au SYSAAF. Enfin chez la truite, si les animaux élevés à l'étage de la sélection sont diploïdes, les animaux de production sont eux triploïdes. Le programme HypoTemp vise à caractériser les corrélations génétiques entre ces individus, ce qui nécessitera d'adapter les outils de traitement pour l'analyse de géotypes triploïdes analysés sur des outils de géotypages prévus pour des individus diploïdes.

Enfin, dans plusieurs populations aquacoles et avicoles, le SYSAAF a pour objectif le développement de ressources SNP afin d'identifier des marqueurs utilisables pour la production d'animaux d'un sexe donné et la gestion des reproducteurs (esturgeon - SiberSex, perche - Sex'N'Perch, truite – NéoBio, perdrix grise et perdrix rouge - RufAssign).

3-4-2 Etat de l'art

a - Optimisation de la sélection

Le progrès génétique annuel dépend de plusieurs paramètres, dont la précision des valeurs génétiques estimées. Pour améliorer le progrès génétique, les outils génomiques peuvent constituer un levier. 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. 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 (VanRaden et al., 2009), bovins allaitants (Weber et al., 2012), ovins laitiers (Duchemin et al., 2012), ovins allaitants (Banks and van der Werf, 2009), chevaux trotteurs (Brard and Ricard, 2015), ainsi que chez la pondeuse dans le cadre du programme UtOpIGe, 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, 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 (Odegård 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 (Gonzalez-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 deux 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.

Pour plusieurs espèces, les programmes de recherche SG-Truite et GeneSea ont permis de démontrer l'intérêt de la sélection génomique sur plusieurs caractères (truite, bar, daurade). La prochaine étape sera l'optimisation du coût du programme de sélection (nombre d'individus phénotypés et/ou génotypés) par rapport au gain de précision attendu grâce à la génomique. Pour d'autres espèces aquacoles comme l'huître creuse ou les esturgeons, l'intérêt de la sélection génomique reste à valider.

Pour *Hermetia illucens* (mouche soldat noire), aucune tentative d'amélioration génétique n'a jamais été réalisée car cette espèce présente de nombreux défis qui rendent tout schéma de sélection difficile à mettre en œuvre. La part génétique comparée à la part des conditions d'élevage sur l'expression de caractères d'intérêt économique est encore mal comprise. Pourtant, des méthodes expérimentales et statistiques existent afin de pouvoir discerner l'influence de ces deux effets.

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, plusieurs ne disposent pas encore d'outils de génotypage de ce type. 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 pourtant un atout pour le développement des outils génomiques envisagés.


c - Génomique et production sexée

Les mécanismes sous-jacents au déterminisme du sexe chez les poissons sont extrêmement variables et peuvent être soit hermaphrodites, principalement protandre, gynandre ou génétiques, soient environnementaux, soient 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 de températures élevées (18°C) autour de l'éclosion et de la résorption de la vésicule vitelline qui pourrait être exploité pour la production de néomâles sans hormone chez la truite. 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 chez 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.

3-4-3 Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques

a - Optimisation de la sélection

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, daurade, huître creuse. 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, la daurade et l’huitre creuse 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. Une fois l’intérêt de la sélection génomique validé, cette méthode peut être utilisée dans les schémas de sélection. Afin de limiter le coût de mise en œuvre de la sélection génomique, une solution peut être de réduire le nombre de marqueurs utilisés, sous réserve que cela ne dégrade pas ou peu la précision des valeurs génomiques estimées. Un enjeu pour les espèces en sélection génomique est donc de déterminer le nombre de SNP optimal pour mettre en œuvre la sélection génomique, de façon à minimiser les coûts tout en ne dégradant pas le gain en précision.

Pour les espèces entomocoles pour lesquelles il n’existe pas encore de schémas de sélection, de nombreux verrous restent à lever. Par exemple, il est encore impossible de marquer les individus ; rendant difficile l’enregistrement de la parenté génétique entre les individus. Chez la mouche soldat noire, on s’attend également à ce que les variations environnementales jouent un rôle important sur les performances des individus. Une solution pourrait être la mise en place un schéma de sélection massale, qui représente le mode de sélection le plus rapide et le plus simple pour des caractères pouvant être mesurés de façon non létale sur un candidat à la sélection et d’héritabilité minimale (>0,15).

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

Chez les espèces avicoles, les techniques de séquençage actuelles ne permettent pas d’accéder à la totalité des chromosomes de ces espèces : en particulier, quelques micro-chromosomes restent absents des génomes de référence, bien que visibles sur les caryotypes. Il y a donc là un verrou à lever pour avoir accès à la totalité du génome de ces espèces. Quelle que soit l’espèce considérée, un génome de référence est d’autant plus intéressant s’il est richement annoté : un enjeu de la R&D est donc aussi la mise en commun entre équipes des informations acquises dans différents programmes sur les génomes, pour recouper les résultats obtenus, les valider et aller jusqu’à leur utilisation dans les schémas de sélection

Pour la mise en œuvre d’évaluations génomiques chez, l’esturgeon russe *A. gueldenstaedtii* et l’esturgeon sibérien *A. baerii*, le développement de puces de génotypage haute ou moyenne densité est un prérequis. A noter que chez l’esturgeon, 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. Pour les canards Pékin et Barbarie, une puce de génotypage haute-densité a été développée avec succès dans CanArray, mais il reste à décliner cet outil en puces moyenne densité adaptées aux lignées des sélectionneurs.

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 descendances XX porteuses du caractère "mâle" (Valdivia et al., 2014). La sensibilité à la température dépend donc du fond génétique et serait de plus héritable (Magerhans and Hörstgen-Schwark, 2010). Cependant, aucune étude ne permet d’évaluer les corrélations éventuelles entre les taux de masculinisation aux différentes températures. En effet, l’étude 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 descendances 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 nucléotides 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.

3-4-4 Travaux de recherche réalisés, démarche expérimentale

a - Optimisation de la sélection

Dans le projet SG-Truite, (Thèse CIFRE de Jonathan d'Ambrosio), en 2020, les travaux ont été poursuivis sur des caractères de découpe et sur la résistance à l'IPN, permettant de consolider les premiers résultats. Les résultats confirment que la sélection génomique basée sur un génotypage moyenne densité permet un gain de précision de 10% à 37% intra-génération, par rapport à une sélection sur pedigree. Une sélection génomique basée sur un génotypage LD avec 6 000 à 10 000 marqueurs est presque aussi efficace qu'une sélection génomique basée sur un génotypage moyenne densité pour l'ensemble des caractères étudiés, les pertes de précision étant tout au plus de 5%. Pour être efficace, la sélection génomique doit considérer une population de référence constituée a minima de plusieurs centaines d'individus phénotypés et génotypés qui soient des collatéraux des candidats à la sélection. En effet, une sélection basée sur la seule information phénotypique de la génération précédente n'est pas efficace que cela soit en évaluation sur pedigree ou génomique, même si la perte de précision par rapport à une évaluation intra génération est nettement plus faible en GBLUP (-12% à -67%), qu'en BLUP (-78% à -112%). Par contre, cumuler de l'information de la génération précédente à celle de la génération en cours d'évaluation permet un gain de précision plus important en sélection génomique (+7 à 11%) qu'en sélection sur pedigree (+1 à 3%), montrant un avantage supplémentaire de la sélection génomique (Figure 55).

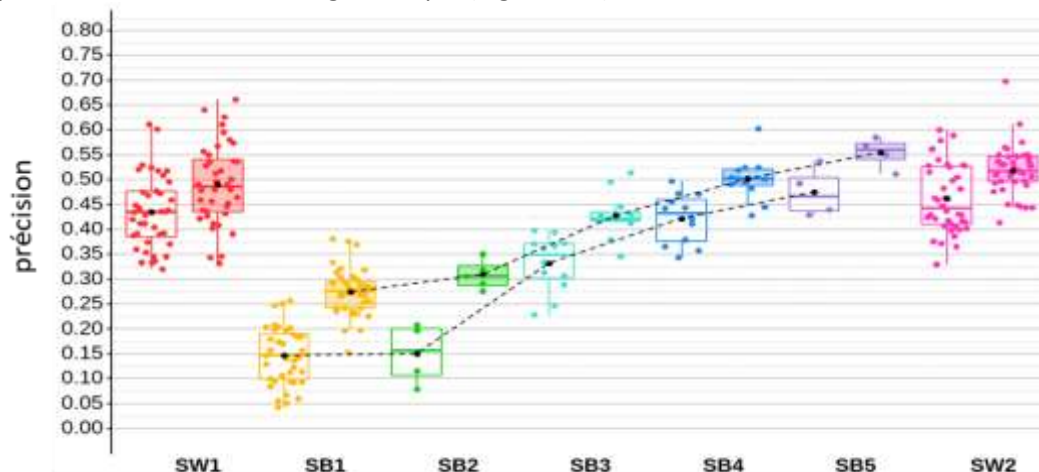


Figure 55 : Boîtes à moustache de la précision d'une évaluation génomique avec 30K marqueurs (boîtes à moustaches pleines) et une évaluation sur pedigree (boîtes à moustaches transparentes) en fonction de 7 scénarios testés pour le caractère poids éviscéré et étêté corrigé par le poids vif. La ligne pointillée représente la moyenne par scénario : SW1 : 960 individus de la génération 9 en population d'apprentissage (PA) et individus de la génération 9 en population de validation (PV), SW2 : 960 individus de la génération 10 en PA et individus de la génération 10 en PV, SB1 : 960 individus de la génération 9 en PA, SB2 : 1 315 individus de la génération 9 en PA, SB3 : 1 315 individus de la génération 9 et 356 individus de la génération 10 en PA, SB4

: 1 315 individus de la génération 9 et 712 individus de la génération 10 en PA, SB5 : 1 315 individus de la génération 9 et 1 068 individus de la génération 10 en PA.

La mise en place d'une sélection génomique sur le poids éviscéré et étêté de la truite corrigé par le poids vif permettrait avec 6 000 à 10 000 marqueurs une augmentation du poids éviscéré et étêté corrigé par le poids vif d'environ 14% par génération avec une intensité de sélection de 10% alors qu'elle est d'environ 10% en BLUP. L'héritabilité estimée dans le projet pour la résistance à l'IPN est faible (environ 0,08). La résistance à l'IPN semble très polygénique et aucun QTL à effet fort n'a été détecté, car le dispositif de notre étude n'apparaît pas assez puissant pour identifier des QTLs d'intérêt pour la résistance à l'IPN en raison non seulement de la faible héritabilité du caractère, mais aussi peut-être d'une couverture insuffisante du génome par les marqueurs de la puce 57K. Une sélection assistée sur marqueurs ne semble donc pas être efficace, mais une sélection génomique avec 1 000 individus permettrait un gain de précision d'environ 10% par rapport à une sélection sur pedigree.

Différents scénarios économiques ont été étudiés pour évaluer l'intérêt économique d'une sélection génomique par rapport à une sélection sur pedigree de la truite (Figure 556). Pour l'ensemble des scénarios, les coûts de la mise en place d'une sélection pedigree sont rentables dès les premiers 42 mois. Pour le scénario en sélection génomique, la rentabilité est atteinte entre 42 et 60 mois. Outre un délai au retour sur investissement, la sélection génomique demande un investissement initial beaucoup plus important que la sélection sur pedigree. Quand le génotypage est à bas coût, la sélection génomique est plus rentable que la sélection sur pedigree au bout de 66 mois ; il faut attendre 24 mois de plus si le génotypage est à coût élevé. Notons que l'évolution des technologies devrait encore permettre une certaine baisse des coûts de génotypage dans les années à venir, mais très vraisemblablement plus importante pour du génotypage moyenne densité que pour des puces d'assignation à quelques dizaines de marqueurs.

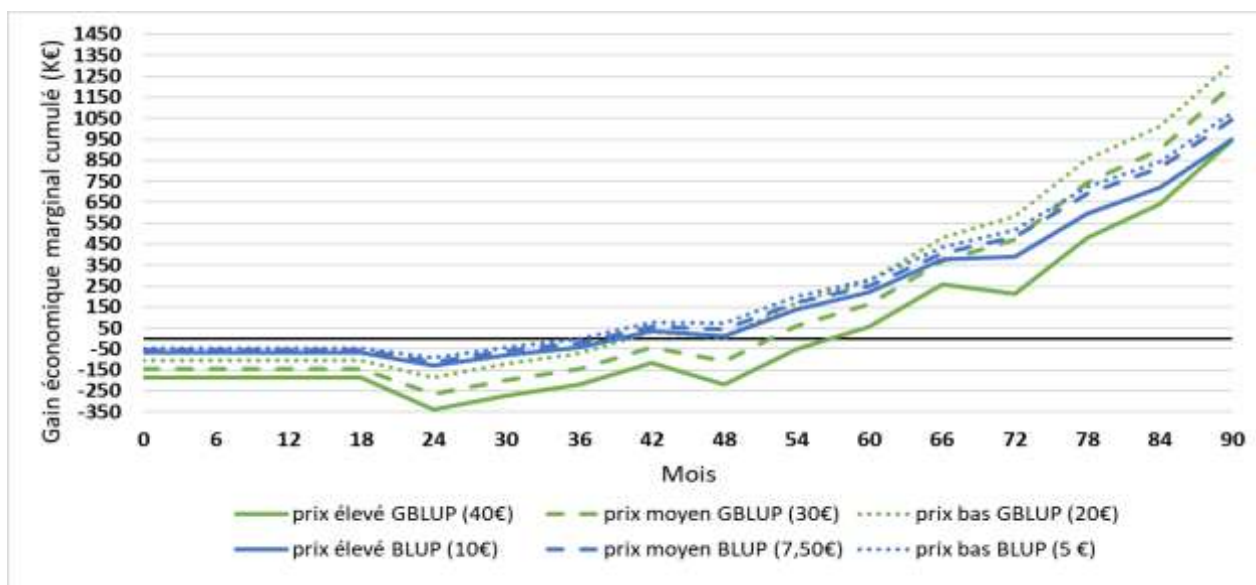


Figure 56 : Gain économique marginal cumulé sur 90 mois d'une sélection sur pedigree en bleu (BLUP) ou génomique en vert (GBLUP) du nombre d'œufs de la ponte, selon le coût du génotypage.

Chez la truite également, le test de la sélection génomique pour sélectionner sur la composition en acide gras de la chair a été réalisé dans le cadre d'Omega-Truite, soutenu par le FEAMP (voir chapitre sur le développement du phénotypage). Pour estimer les efficacités de la sélection classique et génomique, des tests de cross-validation ont été réalisés utilisant les individus génotypés et phénotypés pour tous les traits. 40 réplicas de test de cross validation Monte-Carlo 'leave-one-group-out' ont été réalisés (Kuhn et al., 2013). Pour chaque réplica, la population de validation était composée de 314 poissons, la population d'entraînement de 1068 choisi aléatoirement parmi les 1382 individus phénotypés et génotypés. Les résultats pour les acides gras sont présentés sur la Figure 7. La précision du modèle GBLUP est approximativement 45% plus élevée qu'en BLUP pour tous les acides gras avec approximativement 30K marqueurs, et donc une précision aux alentours des 0.5 pour notre population. La moyenne des précisions pour GEBVs des acides gras

varie entre 0.34 pour ALA et 0.70 pour les n-6 PUFAs alors que les moyennes de précisions des EBVs pour ces deux acides gras sont de 0.30 et 0.51 respectivement. Le plus fort gain en précision entre le GBLUP et le BLUP est de +119.8% obtenu pour l'acide gras DHA et le plus faible gain est de 11.8% obtenu pour ARA.

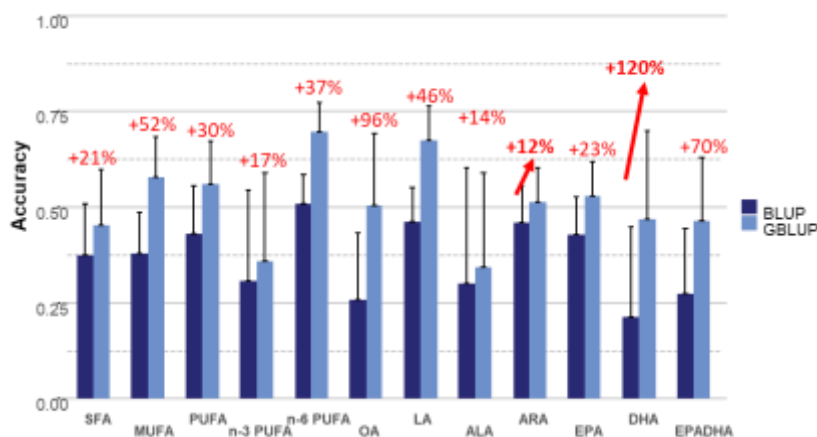


Figure 57 : Précision de la sélection pour BLUP (foncé) ou GBLUP (clair) pour les acides gras

Dans AqualImpact, un objectif est d'estimer la réponse à la sélection sur la croissance chez la truite et le bar, en lien avec l'efficacité alimentaire. Pour la truite, le SYSAAF, l'INRAE et Aqualande, ont mis en place une expérience pour mesurer la réponse phénotypique après 10 générations de sélection génétique. Pour cela, deux lots de poissons ont été créés. Un premier lot issu de femelles et de mâles sélectionnés depuis 10 générations (lot BG10) a été comparé à un deuxième lot issu seulement de femelles sélectionnées croisées avec des mâles non-sélectionnés (lot G0xBG10). Les deux lots ont été élevés séparément à la pisciculture de Pissos (Landes) jusqu'à abattage à taille commerciale (1500g). Au total 670 poissons ont été abattus (335 poissons de chaque lots) et découpés pour mesurer différents caractères d'intérêts ; poids final, poids de filet, poids de viscères, poids de tête, poids de carcasse éviscérée étêtée, poids de l'axe vertébrale.

Les résultats montrent une meilleure croissance du lot BG10. En effet, à l'abattage le lot BG10 avait un poids moyen de 1690g contre 1376g pour le lot G0xBG10 (+23%). La différence entre BG10 et G0xBG10 n'a pas été affectée par le type d'aliment utilisé (aliment expérimental INR VS aliment commercial AQ).

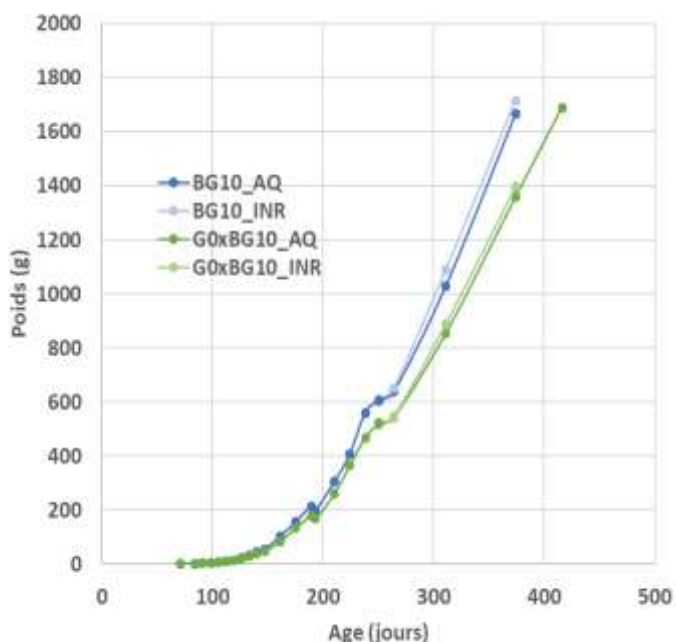


Figure 58: Evolution du poids des différents lot au cours du temps.

De plus, des résultats complémentaires montrent qu'à poids égal, l'efficacité alimentaire des BG10 est meilleure que celle des G0xBG10. La différence entre les deux lots représente une amélioration de 25% de l'efficacité alimentaire en 10 générations de sélection. Pour le bar, des poissons issus d'un croisement de

mâles sélectionnés de l'Écloserie Marine de Gravelines avec des femelles non-sélectionnées de l'Ifremer ont été envoyés en élevage à l'Université de Las Palmas (ULPGC, Espagne). Les performances d'élevage de ces poissons sont actuellement comparées avec celles de poissons issus de parents non-sélectionnés. Les résultats de cette expérience sont espérés courant 2021.

Pour les bars prévus dans AqualImpact, des poissons issus d'un croisement de mâles sélectionnés de l'Écloserie Marine de Graveline avec des femelles non-sélectionnées de l'Ifremer ont été envoyés en élevage à l'Université de Las Palmas (ULPGC, Espagne). Les performances d'élevage de ces poissons sont actuellement comparées avec celles de poissons issus de parents non-sélectionnés. Les résultats de cette expérience sont espérés courant 2021.

Dans le projet PerformFish, une des tâches du SYSAAF consistait à évaluer les liens qui existent entre la résistance à une bactérie, *Vibrio harveyi* et les performances de croissances et de rendements de découpe chez le bar. Pour cela, 1186 poissons issus d'un croisement réalisé en collaboration avec l'Écloserie Marine de Gravelines ont été envoyés à la plateforme de challenge "Fortior Genetics" (SYSAAF-ANSES). A 75g de poids moyen, tous les poissons ont été injectés avec une solution bactérienne. Les jours suivant l'injection, les poissons morts ont été collectés et un bout de nageoire a été prélevé pour les analyses génétiques ultérieures. A la fin du challenge (quand il n'y avait plus de mortalité dû à l'infection) un bout de nageoire a également été prélevé sur les poissons restés vivants. Finalement, parmi les 1186 poissons, 898 ont été génotypés avec 1000 marqueurs SNP pour réaliser l'assignation de parenté et les analyses génétiques ultérieures.

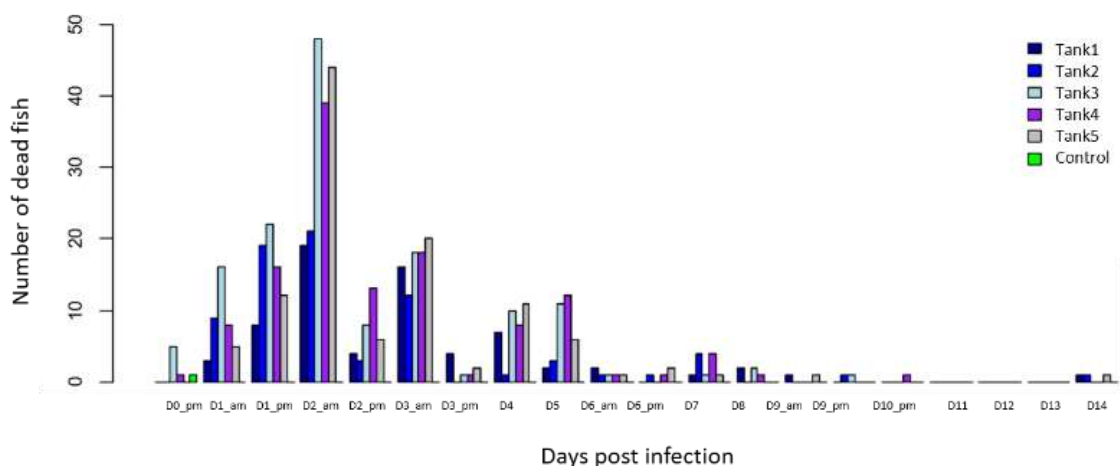


Figure 59: Nombre de poissons morts par bassin et par jour après injection de la solution bactérienne.

En parallèle, 800 poissons issus du même plan de croisement ont été élevés jusqu'à taille commerciale à l'Écloserie Marine de Gravelines. A 518g de poids moyen, ces 800 poissons ont été abattus afin de mesurer les caractères de rendement de découpe tel que le poids à l'abattage, le poids de tête, le poids de viscère et le poids de carcasse. Lors de l'abattage, nous avons également prélevé un bout de nageoire sur chaque poisson pour génotypage et assignation de parenté. Les résultats montrent que la résistance à *V. harveyi* est héritable ($h^2 = 0.09$) ainsi que les caractères de découpe ($h^2 = 0.18$ pour le rendement de tête et $h^2 = 0.62$ pour le rendement de viscère). Cependant, nous n'avons pu mettre en évidence de corrélation génétique entre la résistance à *V. harveyi* et les caractères de découpe sauf pour le rendement de tête ($rg = 0.45 \pm 0.20$).

Tableau 10: En diagonale, l'héritabilité des caractères de résistance à *V. harveyi* et de découpe. Au-dessus de la diagonale, les corrélations génétiques entre les différents caractères. Entre parenthèse, l'erreur standard de la valeur estimée.

	Résistance harveyi	Poids fi	Rendement carcasse	Rendement viscère	Rendement tête
Résistance harveyi	0.09 (0.03)	-0.12 (0.03)	0.16 (0.13)	-0.13 (0.12)	0.45 (0.20)
Poids final		0.29 (0.03)	-0.22 (0.13)	0.21 (0.12)	-0.60 (0.12)

Rendement carcasse			0.39 (0.06)	-0.96 (0.02)	0.47 (0.10)
Rendement viscère				0.62 (0.06)	-0.52 (0.09)
Rendement de					0.18 (0.04)

Dans AqualImpact, en 2019, les familles de daurade ont été produites par l'entreprise FMD. Le phénotypage et le génotypage de ces poissons a été décalé au 1er semestre 2021 à cause de la situation sanitaire (Covid-19). Les données acquises permettront d'analyser grâce à l'apport de la génomique des interactions génotype-environnement (GxE) entre cage (Grèce) et bassin (Oléron) et de prédire la composition en acides gras de la chair. Dans ce même programme, pour le bar, deux lots de collatéraux de bar soumis à deux aliments (2 lots) et challengés au nodavirus (2 challenges de 1000 collatéraux par challenge) ont été génotypés sur puces Axiom 57K. Les analyses génomiques ont été initiées début 2020. Par ailleurs, des phénotypes d'efficacité alimentaire individuelle de daurade ont été acquis courant 2019 dans le cadre du projet PerformFish (voir chapitre phénotypage) sur la station Ifremer de Palavas et les génotypes (puce 57K) ont été réceptionnés en avril 2020. Il se trouve que ce caractère est héritable ($0,24 \pm 0,07$). Ceci a permis de réaliser une indexation génomique des candidats à la sélection de l'adhérent FMD en incluant ce nouveau caractère d'efficacité alimentaire individuelle. Des analyses GWAS sont prévues en complément courant 2021.

Dans la continuité des projets FEAMP Gènesea et H2020 PerformFish et AqualImpact qui ont démontré la faisabilité de la sélection pour la résistance à des pathogènes en environnement opérationnel (populations gérées par les sélectionneurs français), le projet MedMax a été monté en 2020 pour soumission au FEAMP. Ce projet a pour but d'améliorer de façon opérationnelle le développement de lignées commerciales de bars résistantes à deux pathogènes majeurs (Virus de l'Encéphalopathie et de la Rétinopathie ou Nodavirus ; Vibrio harveyi) :

- En fournissant des évaluations précises des gains de survie obtenus à chaque génération de sélection. Pour cela, nous réaliserons des challenges expérimentaux sur deux lots de poissons. Un lot de poissons issus de parents génétiquement plus résistants (lots RES) soit au Nodavirus soit à Vibrio et un lot de poissons issus de parents génétiquement plus sensibles (lots SENS) soit au Nodavirus soit à Vibrio.

- En proposant des moyens de communiquer efficacement sur ces gains en fonction des situations rencontrées chez les clients des écloséries. Cette tâche inclura notamment le développement d'une méthode simple d'évaluation des gains attendus de la sélection en termes de survie, dépendant du contexte où les poissons seront élevés.

- En évaluant sur données réelles l'efficacité de différentes méthodes de sélection utilisées (ou utilisables) par les sélectionneurs. Pour cela, les valeurs génétiques sur descendance (VGDesc) de chaque parent des lots « RES » et « SES » seront estimées à partir de la moyenne des données de survie de leurs descendants. Les valeurs génétiques ainsi prédites sont de bonnes approximations des valeurs génétiques vraies. Elles seront ensuite utilisées pour valider les différents modèles d'évaluation génétique tels que les modèles « BLUP » ou « BLUP génomique ».

Dans Quality-Huitre, en 2020, le phénotypage et le génotypage de la population SATMAR a eu lieu. 1200 huitres ont été phénotypées pour des caractères de croissance, morphologie et couleur, et ont été génotypées sur la puce huitre 57K. L'analyse des résultats commencera en 2021. De plus, les analyses sur les données acquises en 2019 ont continué sur la population Vendée Naissain. Un doctorant en thèse CIFRE, co-encadré avec l'Ifremer pour leur expertise en génomique des mollusques a débuté fin 2019 et permis de produire les résultats présentés ici. Le principal résultat concerne l'efficacité de la sélection génomique sur les caractères de croissance classiquement mesurés et sélectionnés. La Figure60 donne le gain de précision la sélection génomique par rapport à la sélection sur pedigree classique. Cette figure met en évidence que la sélection génomique est supérieure à la sélection sur pedigree dans la plupart des cas de figure, avec cependant des niveaux d'augmentation qui varient en fonction du caractère étudié. Ces résultats sont similaires à ceux obtenus sur les autres espèces aquacoles ; et confortent donc l'intérêt d'utiliser des outils génomiques dans les programmes de sélection des entreprises françaises.

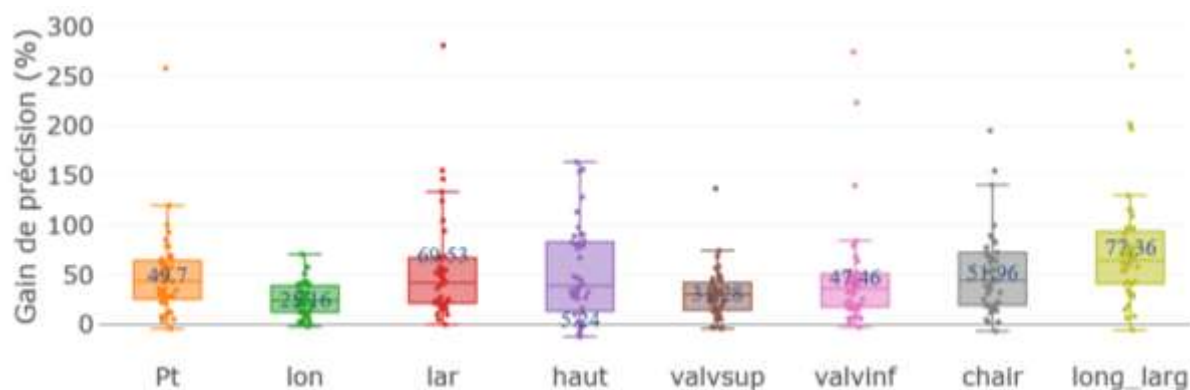


Figure 60 : Gain de précision observé par validation croisée entre sélection classique et sélection génomique chez l'huitre creuse (Pt : poids total ; lon : longueur ; lar : largeur ; haut : hauteur ; valvsup : poids de coquille de la valve supérieur)

Dans plusieurs des programmes décrits dans ce chapitre, des spectres ont été acquis à des fins de phénotypage fin de la composition de la chair en espèces aquacoles (truite, bar, daurade), phénotypes qui entrent ensuite dans des évaluations génomiques. En 2019, le projet Phénomix a été déposé au FEAMP par le SYSAAF. Ce projet vise à regarder s'il est possible sur les espèces précitées de remplacer des matrices d'appareillage génomique (basées sur les marqueurs SNP) par des matrices de ressemblance phénotypique (basée sur des spectres). L'acquisition de spectres complémentaires sur la daurade qui était prévue en 2020 a été reportée à 2021, du fait du décalage du chantier de mesure dû à la pandémie de covid19. Afin de prendre en compte ce contretemps, ainsi que le report d'un an du chantier de phénotypage de la seconde génération de truite prévue dans le projet, le recrutement de l'ingénieur pour le traitement prévu mi-2020 a été reporté à début 2021, les 1ers résultats de ce programme seront donc décrits dans le dossier 2021.

Les résultats de sélection génomique obtenus dans les programmes de recherche en cours conduisent à la réalisation des évaluations génomiques en routine dans les programmes de sélection. Les évaluations génomiques mises en œuvre au SYSAAF nécessitent un pipeline d'analyse dédié qui permet via différents scripts et logiciels de mettre en forme les données de génotypage, de les filtrer sur leur qualité, et d'imputer les données manquantes. En 2020, dans le cadre de la Transversalité Développements Génomiques, des travaux de R&D interne ont été réalisés afin d'automatiser la chaîne de traitement. Des comparaisons ont été effectuées entre lancement manuel et automatisé des différentes étapes de la chaîne, sur des données poule pondeuse. Ces travaux seront à poursuivre en 2021 afin d'adapter les actions développées aux spécificités des génomes des autres espèces traitées au SYSAAF.

Les évaluations réalisées au SYSAAF, tant génétiques que génomiques, reposent sur un modèle linéaire mixte qui se structure avec des effets fixes et des effets aléatoires (génétiques et non génétiques). De la R&D a été réalisée en 2020 afin de tester et d'implémenter une méthode statistique pour vérifier la pertinence d'un effet fixe (PertiFix) en se basant sur de la comparaison de modèle emboîté, c'est-à-dire en comparant un modèle complet et un modèle réduit (contenant moins d'effets fixes). Afin de comparer ces deux modèles, nous avons utilisé le test du rapport de vraisemblance qui permet d'identifier si les modèles sont significativement différents en ajoutant ou en supprimant un ou des effet(s) fixe(s). En évaluation génétique, la méthode REML est utilisée permettant de maximiser la part de la vraisemblance qui est portée par les effets aléatoires. Mais pour tester la pertinence de l'ajout d'un effet fixe, une approche par maximum de vraisemblance (ML) est nécessaire. Cette approche a été réalisée en utilisant un script R avec le package lme4 adapté pour les modèles linéaires mixtes. Ainsi, pour obtenir le log de vraisemblance nous utilisons les données phénotypiques du run. En revanche, en utilisant cette méthode, la généalogie n'a pas été prise en compte dans les modèles utilisés sous R. Ce log de vraisemblance permet d'obtenir la statistique du test du rapport de vraisemblance (LRT), qui suit une distribution du Khi^2 avec k degrés de liberté. Ce LRT est un outil pour permettre de sélectionner un modèle. Ce travail a été réalisé sur une lignée d'un adhérent et sur un modèle d'évaluation génétique (contenant plusieurs effets fixes) déjà utilisé au SYSAAF. D'après le Tableau, pour les deux caractères, l'effet fixe 3 et 4 ne sont pas significatifs, donc ces deux effets fixes ne sont pas pertinents à prendre en compte dans le modèle d'évaluation génétique. La statistique du rapport de

vraisemblance (LRT) a permis de vérifier la pertinence des effets fixes mis en place dans le modèle. Par cette méthode, un modèle pertinent peut être sélectionné.

Tableau 11: Statistique du rapport de vraisemblance (LRT) entre le modèle complet et le modèle complet sans un effet fixe

	EFFET_FIXE1	EFFET_FIXE2	EFFET_FIXE3	EFFET_FIXE4	EFFET_FIXE5	EFFET_FIXE6
CARACT1	✓ 45,63	✓ 107,12	✗ 0,00	✗ 2,78	✓ 233,41	✓ 155,76
CARACT2	✓ 28,82	✓ 95,07	✗ 0,00	✗ 2,95	✓ 438,29	✓ 168,06

✓ : significatif à 5% suivant une table du Khi2

Le projet QuailHeatE est un projet ANR porté l'INRAE et qui s'est clôturé en 2020. Le but de ce projet a été de déterminer en quoi le développement embryonnaire des oiseaux peut influencer leur phénotype et leur épigénome. Deux lignées ont été créées à partir de la même base génétique. Un stress embryonnaire sous la forme d'une élévation de la température au couvoir a été appliqué sur l'une de ces deux lignées. La seconde lignée étant considérée comme une lignée témoin. Les animaux de chacune de ces deux lignées ont été mesurés sur de multiples aspects (phénotypes, physiologie, reproduction) et leur épigénome a été étudié. Bien qu'il soit impossible d'annuler la divergence génétique entre ces deux lignées, le SYSAAF est intervenu afin de construire un plan de croisement adéquat permettant de mitiger les effets génétiques sur les performances mesurées chez les animaux de ces deux lignées. Des croisements en « miroir » ont été réalisés où la structure généalogique dans l'une et l'autre lignée sont exactement symétrique. Le plan de croisement de la dernière génération du projet a été produit en 2020. La valorisation des résultats de ce projet par la soumission d'un article dans un journal à comité de lecture est prévue pour 2021.

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

Dans le programme SeqOcIn, pour les espèces avicoles, il est prévu d'une part d'améliorer le séquençage et l'assemblage du génome de la caille, et d'autre part de mettre en œuvre une expérimentation visant à identifier des marques épigénétiques au cours du cycle de ponte de la poule. Des échanges ont eu lieu en 2020 pour la mise en place d'une expérimentation de suivi de marques épigénétiques chez la poule reproductrice.

En espèces aquacoles, le programme AQUA-FAANG vise à standardiser les protocoles d'annotation fonctionnelle et améliorer les annotations par comparaison de différents génomes. Sur la résistance aux maladies, le programme a pour objectif de comparer des cartes d'annotation pour des individus sains et challengés, ce qui pourrait permettre de prédire des phénotypes de résistance. Le SYSAAF s'implique dans ce programme sur une mission de transfert, afin que les résultats du programme puissent être convertis en des informations utilisables dans les schémas de sélection aquacoles.

Chez le canard, la puce conçue en 2018 dans le programme CanArray a été validée en 2019 sur six plaques d'individus commerciaux barbarie, pékin et mulard. Pour finaliser la validation de la puce, il reste à génotyper des canards de races locales. Cela sera fait en 2021, conjointement avec les projets PalmiP et AsparCan.

Dans le projet Siber'Sex (*A. baerii*), une femelle de l'adhérent Sturgeon a été séquencée avec une couverture en long-reads ONT importante (entre 50 et 100X), puis séquencée avec une couverture en short read 10x genomics. En complément, cette femelle et ses parents ont été séquencés en short reads (2x150bp) et une banque Hi-C a été construite pour l'intégration en chromosomes. Ont également été réalisés un run de PoolSex (20 mâles et 20 femelles d'origine russe), et 24 individus (12 mâles et 12 femelles de l'adhérent L'esturgeonnière) ont été séquencés en génome individuel short-reads à faible couverture. L'assemblage du génome de cette espèce représente un défi particulier car la dernière duplication complète du génome de l'esturgeon pose problème pour l'assemblage : l'assembleur collapse cette dernière duplication qui n'a pas donné lieu à suffisamment de divergence en terme de séquence pour être séparée lors de l'assemblage. Pour pallier à cette difficulté, une nouvelle technologie de séquençage est envisagée : la HiFi PacBio peut générer des fragments longs et exempts d'erreurs (au contraire des autres technologies long-reads qui font entre 15 et 20 % d'erreurs). Le séquençage génomique et l'assemblage consécutif du génome d'*A. baerii* était toujours en cours en 2020.

Dans le cadre du projet S'STURGEON, le génome d'*A. gueldenstaedtii* est aussi en cours de séquençage sur une femelle de chez Sturgeon. Quatre runs de séquençage HIFI sur les 10 qui devraient permettre de

réaliser un assemblage de novo ont été réalisés (chaque run ne produit que 10 Gb de lectures corrigées et il faut au minimum une couverture de 20X). Sont également prévus le séquençage en 10X genomics et le re-séquencage individuel de 30 à 40 individus pour l'analyse du polymorphisme, ainsi que du RNA-Seq pour l'annotation du génome. Les résultats de ces deux projets sur l'esturgeon mèneront au design d'une puce esturgeon bi-espèces d'ici fin 2021, pour tester la sélection génomique chez les adhérents du SYSAAF.

MultiPASS a pour objectif le développement d'une puce de génotypage multi-espèce optimisée en nombre de marqueurs pour des espèces disposant déjà d'outils moyenne ou haute densité pouvant être remplacés par de la basse-densité, ainsi que pour des espèces n'ayant aucun outil de génotypage. En 2020, plusieurs réunions ont été organisées afin d'expliquer le projet et de fédérer un consortium des adhérents intéressés, potentiellement une quinzaine d'entreprise sélectionnant une douzaine d'espèces différentes. Une stratégie de développement a été développée, et des partenariats avec des fournisseurs d'outils génomiques ont été noués. Une démarche de choix de SNP, initialement développée par les doctorants co-encadrés par le SYSAAF, a commencé à être mise en application. Les nombres de SNP par espèce dépendront du nombre d'espèces montées sur la même puce et de leurs niveaux de ploïdie (Figure 61 : Nombre de SNPs en fonction du nombre d'espèces présentes sur une même puce, pour deux type de design possible (adapté aux espèces diploïdes, ou adapté au espèces polyplloïdes).). Ces travaux se poursuivront en 2021, en prenant en compte les évolutions techniques et de coût des différentes technologies.

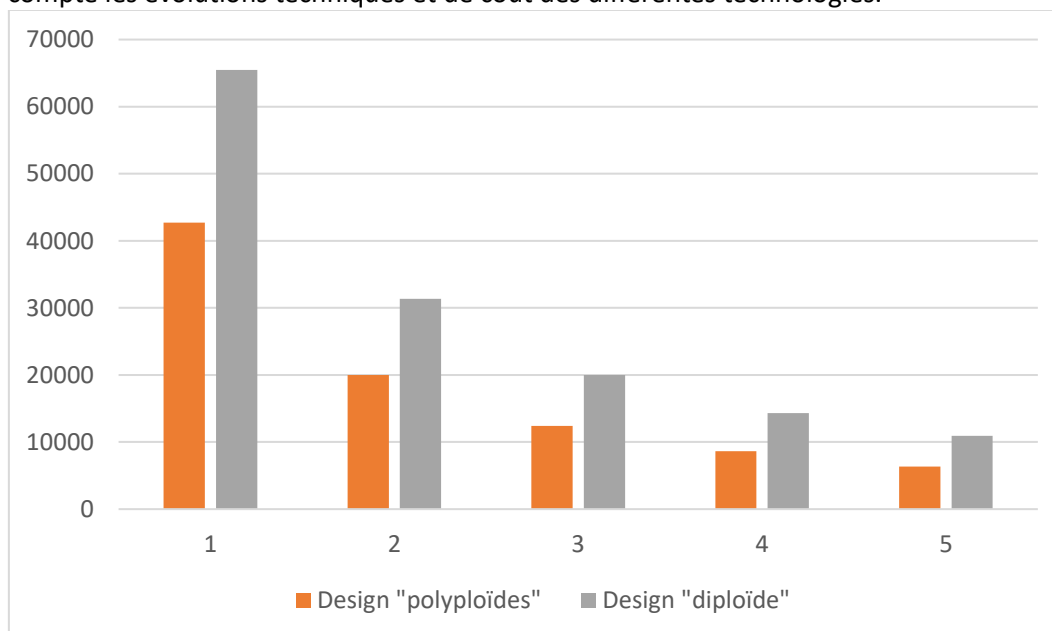


Figure 61 : Nombre de SNPs en fonction du nombre d'espèces présentes sur une même puce, pour deux type de design possible (adapté aux espèces diploïdes, ou adapté au espèces polyplloïdes).

Le projet HypoTemp a débuté en mars 2020, pour une durée prévue de 3 ans. En 2020, le SYSAAF a initié les travaux de génotypages d'individus polyplloïdes. Les échantillons ADN des individus triploïdes challengés à un stress aigu d'hypoxie ont été collectés (1234 individus collectés). Des tests d'extraction d'ADN à partir de ces échantillons ont été menés au laboratoire GENTYANE (plateforme de l'INRAE) afin de s'assurer du bon déroulement de cette extraction. Cette étape validée, les 1234 échantillons collectés ont été envoyés au laboratoire pour génotypage sur puce ThermoFisher 57 000 marqueurs SNP truite. Ces génotypages se sont correctement déroulés avec les outils actuels déjà utilisés par la plateforme GENTYANE pour les individus diploïdes. Les fichiers de résultats obtenus pour ces individus polyplloïdes ne peuvent toutefois pas être analysés par nos chaînes de traitement actuelles, qui ne fonctionnent que pour les individus diploïdes. En effet, pour les individus triploïdes, 4 combinaisons sont possibles pour chaque marqueur SNP (AAA, AAB, ABB, BBB) contre seulement 3 pour les individus diploïdes (AA, AB, BB). Il est donc nécessaire d'adapter la chaîne de traitements du SYSAAF à ces nouveaux génotypes. Dans ce cadre, le package déjà existant FitPoly.R, développé par ThermoFisher, a été testé par le SYSAAF en vue d'obtenir, pour chaque échantillon et pour chaque marqueur SNP, le génotype au format AAA, AAB, ABB, BBB. Ce package a ainsi pu être validé, et un premier script d'analyse des sorties obtenues a été codé en langage Python. Ce script permet de mettre en

forme les fichiers de résultats, afin de les rendre compatible avec la suite de la chaîne de traitements utilisée par le SYSAAF, en particulier le logiciel APIS utilisé pour réaliser l'assignation de parenté. Des adaptations de ce logiciel sont de plus nécessaires, et vont être réalisées en 2021.

c - Génomique et production sexée

Le projet NéoBio soutenu par le FEAMP et coordonné par l'INRAE en partenariat avec le SYSAAF et l'entreprise de sélection « les Fils de Charles Murgat » visait à évaluer le taux de masculinisation spontanée des femelles de truites et à identifier d'éventuels marqueurs QTL de cette aptitude. Une large étude a été conduite sur une cohorte dérivée du programme de sélection de l'entreprise « Les Fils de Charles Murgat » élevée à deux températures différentes (12 et 18°C) pendant 1100 degrés jours à partir de la première prise alimentaire. 20204 animaux ont été sexés à 10 ou 15 mois après la fécondation. Plusieurs QTL associés à la masculinisation spontanée avaient pu être identifiés, dont 1 QTL principal sur Omy1 expliquant de l'ordre de 4 -14% de la variance génétique additive (Fraslin et al., 2020). Les marqueurs les plus informatifs (n=192) ont été montés sur une puce Kaspar afin de génotyper des individus spontanément masculinisés ainsi que des femelles « contrôle » échantillonnés dans 9 populations différentes à l'échelle nationale. Ceci afin de valider que les 192 marqueurs préférentiellement associés à la masculinisation spontanée sur la cohorte expérimentale Murgat sont validés dans d'autres populations françaises. Il se trouve que si quelques populations partagent les mêmes marqueurs de la masculinisation spontanée, le constat général pousse plutôt à étudier intra-population les associations des marqueurs génomiques avec ce caractère de masculinisation spontanée Figure 362. En outre, comme l'utilisation des marqueurs QTL identifiés ne permet d'identifier qu'une partie des animaux à potentiel, des travaux complémentaires seraient nécessaires. Enfin, et plus globalement, la valorisation (par publication scientifique) et la diffusion des résultats impliquent une concertation avec la filière compte-tenu des enjeux sociétaux sous-jacents. Une première réunion avec les sélectionneurs de truite adhérents au SYSAAF a déjà été organisée, et sera suivie d'une autre réunion courant 2021.

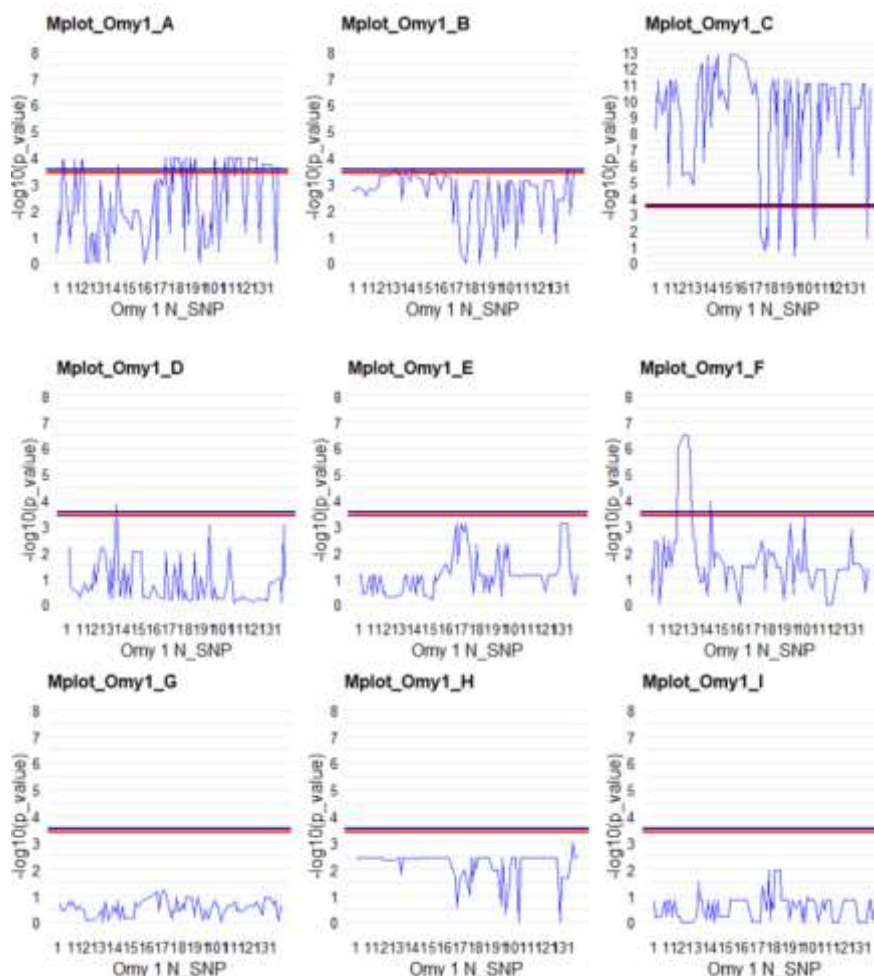


Figure 32 : Significativité d'association à la masculinisation spontanée des 140 SNPs présents sur le chromosome n°1 de la truite chez les 9 populations échantillonnées (A à I)

Dans le cadre du projet Sex'N'Perch, un marqueur SNP a été retenu pour réaliser les tests de sexage génétique. Ce même SNP a ensuite été testé sur un lot inversé hormonalement à Lucas Perches. 70 poissons issus de ce lot inversé ont été sexés génétiquement afin de distinguer parmi les mâles phénotypiques les néomales (XX) et les mâles génétique (XY). Cette analyse a permis l'identification de 40 néomales. Ces néomales ont été croisés avec des femelles standard, pour produire le premier lot monosexue femelle de perche à l'échelle d'une production aquacole. Ce lot a pu être sexé génotypiquement et phénotypé en 2020. Ses performances ont pu être comparées avec un lot de production « standard ». Il s'avère que l'outil de sexage génétique est pleinement fonctionnel et opérationnel, ce qui a permis d'affirmer que tous les individus du lot issu des croisements entre néomâles et femelles étaient effectivement génétiquement des femelles. La production de perches monosexue femelle est donc possible. En outre, les résultats de publications antérieures ont été confirmés : un différentiel de croissance en faveur du « tout femelle » a été observé à partir de 30-40g pour atteindre +25% à 50g de poids moyen. En revanche, on a noté des performances de rendements en filets légèrement inférieures mais statistiquement significatives (48,5% contre 50% pour le lot standard ; test T, $t = 7,67$, $p\text{-value} < 0,0001$) (Figure 43).

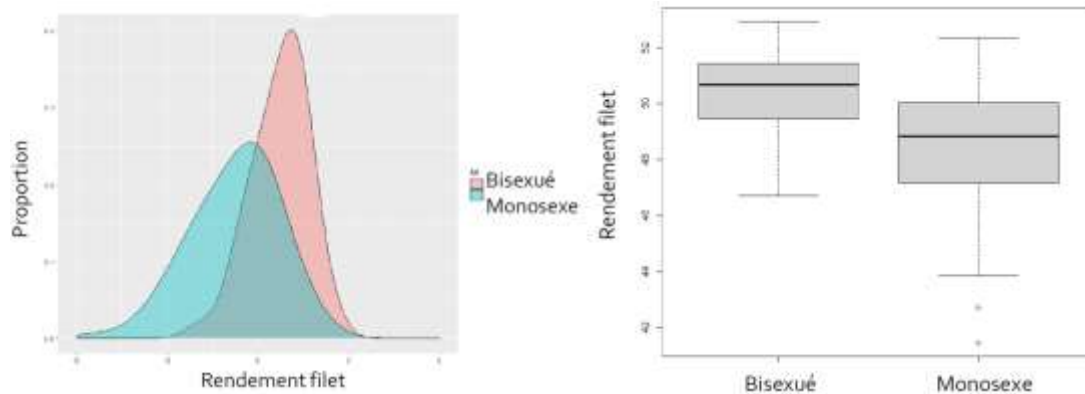


Figure 43 : Comparaison du rendement en filets d'un lot de perche "standard" et d'un lot "monosexue femelle"

Dans le cadre du partenariat avec le SYSAAF et l'INRAE pour les projets Siber'Sex et S'STURGEON, les adhérents Sturgeon et L'Esturgeonnière ont été sollicités pour fournir des échantillons biologiques d'individus *A. baerii* et *A. gueldenstaedtii* au consortium Européen STURGEoNOMICS (Genome-based approaches for improvement of aquaculture in two marine sturgeon species: Atlantic sturgeon (*Acipenser oxyrinchus*) and Beluga (*Huso huso*)) afin de tester si le marqueur du sexe génomique identifié sur *A. oxyrinchus* et *H. huso* fonctionnerait également sur nos espèces d'intérêt au SYSAAF. Les résultats montrent que le test génomique du sexe par PCR mettant en évidence la région spécifique du sexe femelle (W) fonctionne pour *A. baerii* et *A. gueldenstaedtii* (Erreur ! Source du renvoi introuvable.4) : on y constate l'absence d'amplification de la zone spécifique aux femelles chez les individus mâles. Cette découverte de locus spécifique du sexe femelle chez l'esturgeon qui soit conservé entre diverses espèces de cet animal « préhistorique » a fait l'objet d'une publication dans une revue internationale à comité de lecture.

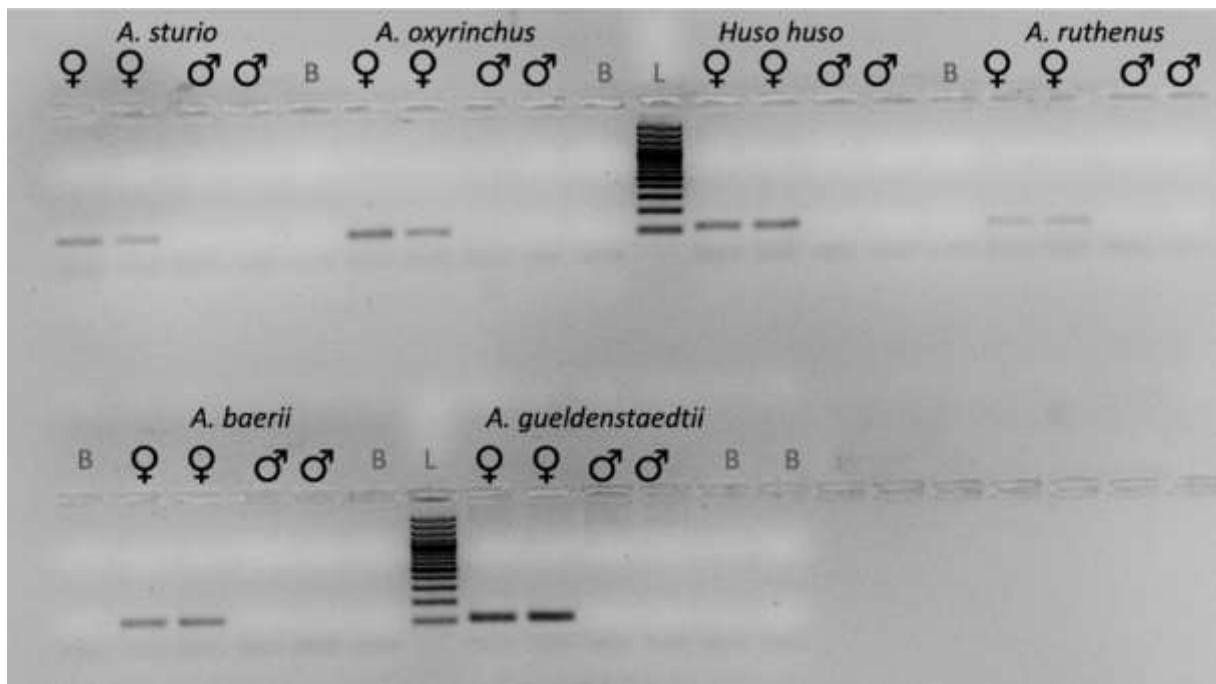


Figure 54 : Résultats de migration sur gel du fragment amplifié du marqueur du sexe femelle chez différentes espèces d'esturgeon (illustration tirée de résultats obtenus dans le cadre de STURGEoNOMICS)

3-4-5 Références bibliographiques citées pour l'axe 2B

Banks, R.G., van der Werf, J.H.J., 2009. Economic evaluation of whole genome selection using meat sheep as a case study. <http://www.aaabg.org/livestocklibrary/2009/banks430.pdf>.

Baroiller, J.F., Guiguen, Y., 2001. Endocrine and environmental aspects of sex differentiation in gonochoristic fish. *EXS* 177–201.

Brard, S., Ricard, A., 2015. Should we use the single nucleotide polymorphism linked to in genomic evaluation of French trotter? *Journal of Animal Science* 93, 4651. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-9224>

Chen, C.Y., Misztal, I., Aguilar, I., Tsuruta, S., Meuwissen, T.H.E., Aggrey, S.E., Wing, T., Muir, W.M., 2011. Genome-wide marker-assisted selection combining all pedigree phenotypic information with genotypic data in one step: An example using broiler chickens. *J. Anim. Sci.* 89, 23–28. <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3071>

Duchemin, S.I., Colombani, C., Legarra, A., Baloché, G., Larroque, H., Astruc, J.-M., Barillet, F., Robert-Granié, C., Manfredi, E., 2012. Genomic selection in the French Lacaune dairy sheep breed. *J. Dairy Sci.* 95, 2723–2733. <https://doi.org/10.3168/jds.2011-4980>

Feist, G., Yeoh, C.-G., Fitzpatrick, M.S., Schreck, C.B., 1995. The production of functional sex-reversed male rainbow trout with 17 α -methyltestosterone and 11 β -hydroxyandrostenedione. *Aquaculture* 131, 145–152. [https://doi.org/10.1016/0044-8486\(94\)00336-M](https://doi.org/10.1016/0044-8486(94)00336-M)

Fraslin, C., Phocas, F., Bestin, A., Charles, M., Bernard, M., Krieg, F., Dechamp, N., Ciobotaru, C., Hozé, C., Petitprez, F., Milhes, M., Lluch, J., Bouchez, O., Poncet, C., Hocdé, P., Haffray, P., Guiguen, Y., Quillet, E., 2020. Genetic determinism of spontaneous masculinisation in XX female rainbow trout: new insights using medium throughput genotyping and whole-genome sequencing. *Scientific Reports* 10, 17693. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-74757-8>

Gonzalez-Pena, D., Gao, G., Baranski, M., Moen, T., Cleveland, B.M., Kenney, P.B., Vallejo, R.L., Palti, Y., Leeds, T.D., 2016. Genome-Wide Association Study for Identifying Loci that Affect Fillet Yield, Carcass, and Body Weight Traits in Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Front Genet* 7. <https://doi.org/10.3389/fgene.2016.00203>

Gutierrez, A.P., Turner, F., Gharbi, K., Talbot, R., Lowe, N.R., Peñaloza, C., McCullough, M., Prodöhl, P.A., Bean, T.P., Houston, R.D., 2017. Development of a Medium Density Combined-Species SNP Array for Pacific and European Oysters (*Crassostrea gigas* and *Ostrea edulis*). *G3 (Bethesda)* 7, 2209–2218. <https://doi.org/10.1534/g3.117.041780>

Haffray, P., Enez, F., Bugeon, J., Chapuis, H., Dupont-Nivet, M., Chatain, B., Vandeputte, M., 2018. Accuracy of BLUP breeding values in a factorial mating design with mixed families and marker-based parentage assignment in rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*. *Aquaculture* 490. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2018.03.003>

Houston, R.D., Haley, C.S., Hamilton, A., Guy, D.R., Tinch, A.E., Taggart, J.B., McAndrew, B.J., Bishop, S.C., 2008. Major Quantitative Trait Loci Affect Resistance to Infectious Pancreatic Necrosis in Atlantic Salmon (*Salmo salar*). *Genetics* 178, 1109–1115. <https://doi.org/10.1534/genetics.107.082974>

Kuhn, M., Johnson, K., Kuhn, M., Johnson, K., 2013. Over-Fitting and Model Tuning, in: *Applied Predictive Modeling*. Springer, pp. 61–92. https://doi.org/10.1007/978-1-4614-6849-3_4

Li, D.F., Lian, L., Qu, L.J., Chen, Y.M., Liu, W.B., Chen, S.R., Zheng, J.X., Xu, G.Y., Yang, N., 2013. A genome-wide SNP scan reveals two loci associated with the chicken resistance to Marek's disease. *Anim. Genet.* 44, 217–222. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02395.x>

Magerhans, A., Hörstgen-Schwark, G., 2010. Selection experiments to alter the sex ratio in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) by means of temperature treatment. *Aquaculture* 306, 63–67. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2010.05.015>

Moore, E.C., Roberts, R.B., 2013. Polygenic sex determination. *Curr. Biol.* 23, R510-512. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2013.04.004>

Nielsen, H.M., Sonesson, A.K., Yazdi, H., Meuwissen, T.H.E., 2009. Comparison of accuracy of genome-wide and BLUP breeding value estimates in sib based aquaculture breeding schemes. *Aquaculture* 289, 259–264. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2009.01.027>

Odegård, J., Moen, T., Santi, N., Korsvoll, S.A., Kjøglum, S., Meuwissen, T.H.E., 2014. Genomic prediction in an admixed population of Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Front Genet* 5, 402. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00402>

Okada, H., Matumoto, H., Yamazaki, F., 1979. Functional masculinization of genetic females in rainbow trout. <https://doi.org/10.2331/suisan.45.413>

Sonesson, A.K., 2007. Within-family marker-assisted selection for aquaculture species. *Genet. Sel. Evol.* 39, 301–317. <https://doi.org/10.1051/gse:2007005>

Tsai, H.-Y., Hamilton, A., Tinch, A.E., Guy, D.R., Gharbi, K., Stear, M.J., Matika, O., Bishop, S.C., Houston, R.D., 2015. Genome wide association and genomic prediction for growth traits in juvenile farmed Atlantic salmon using a high density SNP array. *BMC Genomics* 16, 969. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-2117-9>

Tsumura, K., Blann, V.E., Lamont, C.A., 1991. Progeny Test of Masculinized Female Rainbow Trout Having Functional Gonoducts. *The Progressive Fish-Culturist* 53, 45–47. [https://doi.org/10.1577/1548-8640\(1991\)053<0045:PTOMFR>2.3.CO;2](https://doi.org/10.1577/1548-8640(1991)053<0045:PTOMFR>2.3.CO;2)

Valdivia, K., Jouanno, E., Volff, J.-N., Galiana-Arnoux, D., Guyomard, R., Helary, L., Mouro, B., Fostier, A., Quillet, E., Guiguen, Y., 2014. High Temperature Increases the Masculinization Rate of the All-Female (XX) Rainbow Trout “Mal” Population. *PLOS ONE* 9, e113355. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0113355>


Vallejo, R.L., Leeds, T.D., Fragomeni, B.O., Gao, G., Hernandez, A.G., Misztal, I., Welch, T.J., Wiens, G.D., Palti, Y., 2016. Evaluation of Genome-Enabled Selection for Bacterial Cold Water Disease Resistance Using Progeny Performance Data in Rainbow Trout: Insights on Genotyping Methods and Genomic Prediction Models. *Front Genet* 7. <https://doi.org/10.3389/fgene.2016.00096>

Vallejo, R.L., Leeds, T.D., Gao, G., Parsons, J.E., Martin, K.E., Evenhuis, J.P., Fragomeni, B.O., Wiens, G.D., Palti, Y., 2017. Genomic selection models double the accuracy of predicted breeding values for bacterial cold water disease resistance compared to a traditional pedigree-based model in rainbow trout aquaculture. *Genetics Selection Evolution* 49, 17. <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0293-6>

VanRaden, P.M., Van Tassell, C.P., Wiggans, G.R., Sonstegard, T.S., Schnabel, R.D., Taylor, J.F., Schenkel, F.S., 2009. Invited review: reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. *J. Dairy Sci.* 92, 16–24. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1514>

Villanueva, B., Fernández, J., García-Cortés, L.A., Varona, L., Daetwyler, H.D., Toro, M.A., 2011. Accuracy of genome-wide evaluation for disease resistance in aquaculture breeding programs. *J. Anim. Sci.* 89, 3433–3442. <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3814>

Weber, K.L., Thallman, R.M., Keele, J.W., Snelling, W.M., Bennett, G.L., Smith, T.P.L., McDanel, T.G., Allan, M.F., Van Eenennaam, A.L., Kuehn, L.A., 2012. Accuracy of genomic breeding values in multibreed beef cattle



populations derived from deregressed breeding values and phenotypes. *J. Anim. Sci.* 90, 4177–4190. <https://doi.org/10.2527/jas.2011-4586>

Wolc, A., Stricker, C., Arango, J., Settar, P., Fulton, J.E., O’Sullivan, N.P., Preisinger, R., Habier, D., Fernando, R., Garrick, D.J., Lamont, S.J., Dekkers, J.C., 2011. Breeding value prediction for production traits in layer chickens using pedigree or genomic relationships in a reduced animal model. *Genetics Selection Evolution* 43, 5. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-43-5>

Yáñez, J.M., Houston, R.D., Newman, S., 2014. Genetics and genomics of disease resistance in salmonid species. *Front Genet* 5. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00415>

3-4-6 Acquisition des connaissances

La réalisation des démarches de recherche évoquées dans ce chapitre permet l’acquisition de connaissances et compétences en génomique pour l’ensemble des salariés en interne, y compris les doctorants CIFRE. L’approche collective au sein du SYSAAF favorise un transfert rapide et facilité des acquis d’une espèce vers une autre espèce. Les mises au point technologiques sont conduites en étroite interaction avec les projets des entreprises de sélection. Cette dynamique leur permet de bénéficier d’une capacité d’innovation permanente et renouvelée adaptée à leurs attentes et à leur capacité d’innovation, destinée à leur permettre de rester concurrentiels sur les marchés mondiaux. Les résultats des programmes portant sur la sélection génomique conduisent à une mise en œuvre directe de la génomique dans les schémas de sélection en raison du gain en précision constaté dans les programmes de R&D. La recherche se poursuit sur cette thématique, avec l’optimisation des schémas en terme de coût et d’efficacité, et le développement d’outils de génotypage adaptés. La R&D interne réalisée en 2020 au SYSAAF a permis l’implémentation de nouveaux outils utilisés dès 2021, tant pour la sélection génomique que pour la sélection classique. Chez la mouche soldat noire, les expérimentations réalisées avec AgroNutris et InnovaFeed ont permis de valider la faisabilité de schémas de sélection. Concernant le sexage génétique, les avancées réalisées dans la compréhension du déterminisme sexuel de l’esturgeon ouvrent la porte à l’utilisation de tests de sexage génétique en routine chez les éleveurs d’esturgeons pour tendre vers la production de cheptels uniquement composés de femelles.

3-5 Recherche pour l'optimisation des outils informatiques et des méthodes statistiques

(Thématiques 1 & 2, Objectif opérationnel 5)

3-5-1 Objectifs du projet

Le développement du phénotypage haut-débit, pour d'anciens et/ou de nouveaux caractères, couplé à la mise en œuvre des méthodes et outils de la génomique, contribuent à améliorer l'efficacité des programmes de sélection chez nos espèces d'intérêt. Néanmoins, ces évolutions génèrent des données en nombres conséquents et de natures différentes, nécessitant pour être collectées, stockées et utilisables, de faire évoluer les outils de collecte et de traitements informatiques dont nous disposons en interne, ainsi que les méthodes statistiques dont nous avons besoin.

3-5-2 Etat de l'art, Aléas, Incertitudes scientifiques & Verrous technologiques

La qualité ou fiabilité et la traçabilité des données, associées à une gestion et un traitement approprié sont des composantes cruciales pour la compétitivité des entreprises de sélection. Néanmoins, compte tenu du nombre limité d'acteurs concernés, couplé à une importante spécificité interindividuelle, aucun outil n'est commercialement disponible, que ce soit pour saisir, gérer, valider, traiter ou analyser les données de sélection. En outre, en raison de l'évolution des objectifs et de l'organisation de leurs programmes de sélection, ainsi que des techniques mises en œuvre et de la nature et du nombre de caractères mesurés, les besoins des sélectionneurs se complexifient sans cesse. Les outils informatiques doivent donc constamment évoluer et l'une des missions essentielles du SYSAAF est d'anticiper le développement de nouvelles versions dans un processus d'adaptation en continu.

Concernant les outils de traitement des données et d'analyse statistique, différents logiciels sont commercialisés, mais globalement ceux-ci manquent souvent de polyvalence et doivent être testés expérimentalement pour en apprécier les spécificités et les modalités ou la pertinence d'utilisation en fonction des contextes. D'autres logiciels décrits dans des publications sont développés par des chercheurs et disponibles libres 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 tout à la fois de bonnes connaissances de programmation et des concepts de la génétique quantitative. Ces travaux de recherche sur les logiciels et l'organisation des bases et des flux de données sont essentiels avant d'en envisager toute transcription et intégration définitive dans nos "pipelines" informatiques. La réalisation de ces travaux expérimentaux est un préalable indispensable pour pouvoir escompter enchaîner automatiquement les opérations de mises en forme des fichiers au format adéquat et la réalisation d'analyses successives. Cette automatisation est une dimension cruciale pour pouvoir en envisager une utilisation en routine dans nos services, sachant que certaines analyses peuvent nécessiter un temps machine de plusieurs jours et que plusieurs populations peuvent faire l'objet de traitements parallèlement à une même période calendaire.

3-5-3 Travaux de recherche, Démarche expérimentale & Résultats acquis

3-5-3-1 Logiciels de saisies des données : InfAvi et InfAqua

A- Evolutions générales des logiciels et de leur environnement

Les logiciels InfAvi et InfAqua sont des applications "métiers" supports indispensables à la réalisation des expérimentations spécifiques de sélection. Non disponibles commercialement, elles sont développées spécifiquement au SYSAAF dans un processus interactif de mutualisation au profit du SYSAAF et de ses adhérents. 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 atteinte d'une taille minimale, élevage en bassins successifs ou en lots, génération composée de plusieurs cohortes, etc...) justifient le besoin d'applications dédiées spécifiquement pour les expérimentations avicoles (InfAvi) ou aquacoles (InfAqua). Le développement des versions finalisées est réalisé en partenariat avec une société de développement informatique, dont les salariés ont une bonne connaissance des concepts de la génétique quantitative et de notre contexte d'expérimentation. Ces logiciels permettent de saisir et de gérer les données de sélection, en disposant pour cela de bases de données développées sous Access, de programmes de saisie spécifiques et de

procédures d'import/export/transmutations de données permettant la réalisation des échanges de données entre les sélectionneurs et le SYSAAF.

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

- Les demandes sociétales en termes de bien-être animal, réduction des effluents (fèces, 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, génération et collecte automatisée de données de poids et/ou de consommation d'aliment, analyses d'images numériques automatisées, assignation de parenté par typage de l'ADN (microsatellites ou SNP), données de génotypage pour la sélection génomique, données de séquençage, etc...

L'acquisition et le flux de données s'intègrent dans un schéma de gestion actuel pouvant être illustré comme suit (exemple de l'organisation des données aquacoles) :

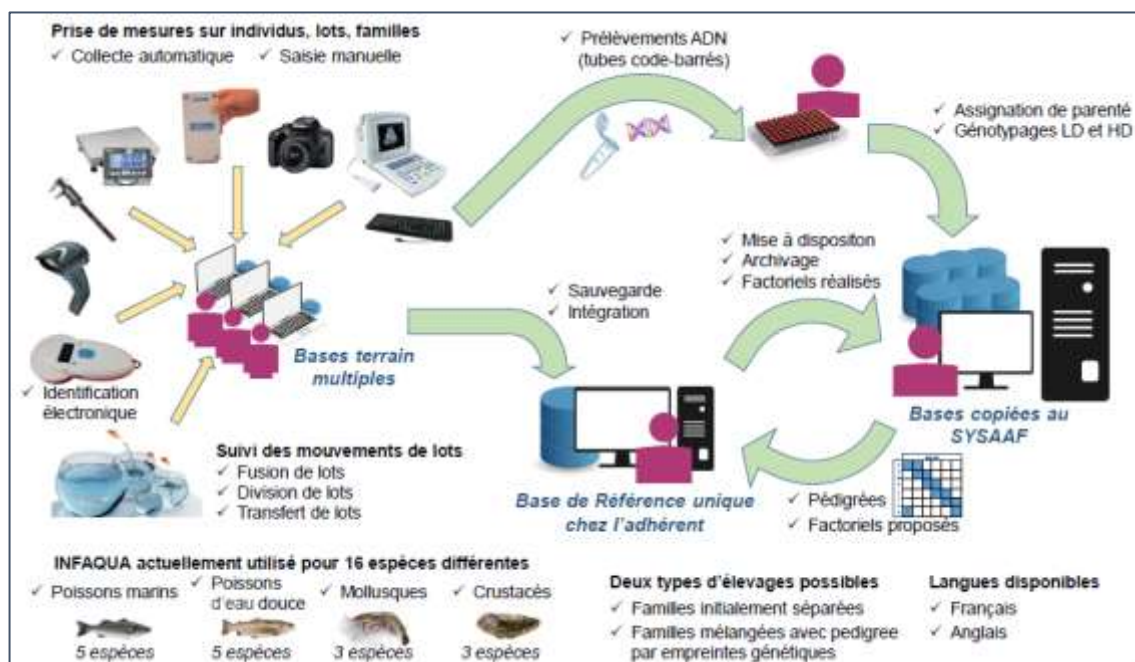



Figure 65 : Représentation schématique d'organisation de l'outil InfAqua

Mais afin de pouvoir gérer ces nouveaux types de données et d'en envisager ensuite une utilisation en routine, il est nécessaire de tester dans le cadre des expérimentations des modifications en profondeur de l'architecture des logiciels InfAvi et InfAqua, incluant :

- de nouvelles structures d'enregistrement de la généalogie,
- l'enregistrement des données répétées pour tenir compte de l'acquisitions des données de phénotypage « haut débit » enregistrées par des appareils de mesure automatisés en élevage.
- l'identification et la saisie des échantillons biologiques transmis en plaque pour analyse aux plateformes de génotypage,
- la quantification de nouveaux caractères par analyse d'image (nombre, surface, nature, etc...)
- l'introduction de nouveaux caractères mesurables, issus des programmes de recherches (Cf. Axes 1 et 2),
- l'étude et le développement de nouveaux appareils de mesures. Le SYSAAF participe notamment, en partenariat avec l'INRAE et l'IFREMER, au développement d'une règle de mesure électronique connectée pour espèces piscicoles (appelée ichtyomètre), dont il n'existe pas d'équivalent



dans le commerce à ce jour. Le développement de cet ichtyomètre a fait l'objet en 2020 de la rédaction d'un Contrat de Licence et d'une Déclaration d'Invention. La fabrication des premiers exemplaires devrait commencer courant 2021, en vue d'une utilisation notamment dans le cadre des projets de recherche auxquels le SYSAAF ou ses adhérents sont amenés à participer).

- la connexion de nouveaux appareils de mesures (pieds à coulisses connectés pour la mesure des mollusques),
- la gestion d'élevages aquacoles en familles séparées, spécifique à certaines espèces (esturgeons).
- la modification de la base de données Infavi pour tenir compte des lignées gérées en factoriels : en effet, les plans d'accouplement habituellement gérés en aviculture étaient jusqu'à présent de type hiérarchiques (1 mâle accouplé à n femelles) avec un mode de reproduction par insémination artificielle. Le développement à un coût raisonnable de l'assignation de parenté permet d'envisager d'autres types de plans d'accouplements et en particulier des plans d'accouplements factoriels de n mâles et m femelles en reproduction spontanée au sol, alternative à une possible interdiction future de l'élevage en cages individuelles. Ces conditions d'élevage ne permettent néanmoins pas d'enregistrer les performances de ponte des femelles au cours de l'ensemble du cycle de production.

En 2020, de nouvelles versions d'InfAvi (V9.9.9 à V10.0.0) et d'InfAqua (V8.071 à V8.074) ont été développées et déployées sur le terrain en respectant la chronologie des étapes suivantes :

- élaboration d'un cahier des charges, incluant la réalisation de tests dans des contextes expérimentaux,
- interactions avec le prestataire et réalisation d'une version "bêta",
- réalisation de tests expérimentaux réalisés par le SYSAAF de chacune des fonctions et interactions en feed-back avec le prestataire pour résoudre les problèmes lorsque les résultats sont incohérents,
- mise en place et testage expérimental approfondi sur un site terrain "pilote",
- nouvelles interactions avec le prestataire et préparation d'une version "terrain" pour une utilisation en routine,
- Installation chez l'ensemble des adhérents (18 entreprises aquacoles, 9 entreprises avicoles),
- organisation de sessions de formation aux nouvelles fonctionnalités d'InfAvi, dispensée conjointement par le SYSAAF et son prestataire informatique (HIZKIA),
- organisation d'une session de formation au logiciel InfAqua (à l'automne 2020), d'une durée de 3 jours, dispensée par le SYSAAF et ouverte à tous ses adhérents, ayant permis de former 8 personnes.

B- Version InfAqua V9

Un projet de recherche a été déposé à un appel à projet au titre de la mesure 50.c du FEAMP 2018 Celui-ci a été accepté en 2019. Il doit se terminer fin 2021. Il bénéficie d'un financement partiel, correspondant à l'intervention du prestataire. Ce programme a pour objectif une refonte totale avec des développements importants permettant de passer de la version V8 à la V9 du logiciel InfAqua. L'élaboration d'un cahier des charges technique plus détaillée a été conduite en 2019. Très attendu par les utilisateurs (adhérents et collaborateurs du SYSAAF), le passage à cette version 9 doit notamment permettre les éléments suivants :

- une prise en main et une utilisation plus intuitive pour les sélectionneurs, après refonte générale de l'ergonomie,
- une base de données adaptée aux nouvelles données expérimentales de génotypage, en lien avec le passage à la sélection génomique chez certains sélectionneurs,
- le développement et l'intégration de nouveaux modules spécifiques devant répondre à de nouveaux besoins expérimentaux des sélectionneurs aquacoles (module de saisie des challenges pathologiques et environnementaux, module de gestion des stocks de gamètes cryoconservés, module de gestion des reproductions, etc...).

- La mise au point d'un boîtier d'interconnexion pour faire communiquer un ordinateur et différents appareils de mesure (intégré aux outils InfAvi et InfAqua).

Suite à l'acceptation du projet, les premières phases de développement ont pu débuter au 2nd semestre 2019, avec l'établissement d'un cahier des charges technique dédié au développement d'un module de saisie des challenges pathologiques et environnementaux. L'année 2020 a permis de lancer les développements et d'avancer sur l'interface générale du logiciel, permettant d'assurer une ergonomie optimale de l'outil, indispensable à la bonne collecte des données en particulier lors des gros chantiers de mesure réalisés lors des différents projets de recherche auxquels participe le SYSAAF. Cette année 2020 a aussi permis de développer et de finaliser le module spécifique de saisie des challenges pathologiques et environnementaux. Ce module permet de collecter et de bancariser les données spécifiques à ces chantiers particuliers (type de pathogène utilisé, souches de pathogènes, concentration, méthode d'inoculation, nombre de bacs de challenge, nombre de bacs témoins, température de l'eau, concentration en dioxygène, ...). Ce module est désormais opérationnel, et utilisé depuis fin 2020 lors des challenges réalisés sur la plateforme FORTIOR du SYSAAF. En plus de ces développements, les cahiers des charges nécessaires à la réalisation des modules de gestion des reproductions ont été rédigés et transmis à notre prestataire informatique. Ces nouveaux modules, dont les développements seront réalisés en 2021, permettront notamment d'assurer l'adaptation de l'outil INFAQUA aux nouvelles espèces aquacoles suivies par le SYSAAF (en particulier les mollusques et les crustacés). Enfin, l'année 2020 a permis d'avancer sur le développement d'une base de données spécifique aux données de génotypage et à l'intégration à la chaîne de traitements du SYSAAF de nouveaux traitements bio-informatiques en lien avec le passage à la sélection génomique chez certains sélectionneurs et au développement des projets de recherche dans ce domaine (voir partie 4-3-2).


En 2020, une réflexion a été initiée pour faire converger à terme les logiciels INFAMI et INFAQUA. Les bases de données sous-jacentes sont déjà très voisines. A partir d'un socle commun, des modules spécifiques permettraient de gérer les spécificités avicoles et aquacoles. La première étape serait le développement commun d'un outil de saisie de données.

L'arrivée des adhérents entomocoles au sein du SYSAAF a également conduit en 2020 à une première réflexion sur la nécessité de développement d'un outil informatique adaptée à la mise en place et au suivi des schémas de sélection en Mouche Soldat Noire. La perspective de convergence des outils avicoles et aquacoles est donc également rejointe par la nécessité de s'adapter à de nouvelle espèce.

C - 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 expérimentales (indexation et accouplements raisonnés) et les collaborateurs en charge de ces traitements utilisaient le plus souvent des procédures développées spécifiquement à l'aide de langages tels que R ou SAS, associées à la manipulation de nombreux fichiers. Cette approche empirique était à la fois très chronophage et une source potentielle d'erreurs. Pour y pallier, une chaîne de traitement des données, dénommée "KOALA", commune aux secteurs avicoles et aquacoles a été développée spécifiquement pour les besoins expérimentaux 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 l'une de l'autre, adossée à une base de données propre à KOALA. KOALA est opérationnel depuis fin 2013 (V1.01), néanmoins de nombreux développements sont intégrés chaque année pour l'adapter aux spécificités des données expérimentales acquises dans le cadre des programmes de recherche et plus globalement chez l'ensemble des adhérents du SYSAAF. Ces développements permettent de répondre à des besoins émergents, mais également d'accroître les fonctionnalités et/ou l'efficacité de cette chaîne permettant de fiabiliser les résultats tout en rationalisant le temps passé à la réalisation de nos activités de recherche. L'élaboration de tels développements nécessitent la mise en œuvre de démarches expérimentales spécifiques d'autres natures.

Concrètement, la chaîne de traitement des données "KOALA" (**V2.11**) permet de préparer les fichiers d'entrée (pedigrees, données brutes et transformées, paramètres génétiques) aux formats spécifiques, nécessaire pour utiliser les différents programmes statistiques d'indexation et d'accouplements raisonnés



utilisés au SYSAAF (**Pack OptiVar**). Elle permet également d'y intégrer en retour les paramètres génétiques, les listes de candidats choisis ou les plans d'accouplements résultant de l'utilisation de ces logiciels. La traçabilité sous-jacente des opérations réalisées permet à tout collaborateur de consulter toutes les informations relatives aux différents traitements statistiques réalisés sur les données à chaque génération pour toutes les lignées et dans les expérimentations des programmes de recherche.

Les nouvelles fonctions régulièrement développées sont 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 globale 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 recourir à un intervenant extérieur et donc pallier dans l'urgence à des besoins particuliers.

En 2020, 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 2.11**) d'améliorations dont les principales ont eu pour but :


- une facilité et rapidité accrue d'exécution des tests statistiques et la création d'outils de visualisation des données expérimentales permettant d'optimiser la fiabilité des traitements statistiques et choix, associé à un meilleur confort d'utilisation,
 - la poursuite de l'intégration d'interfaces avec de nouveaux programmes d'évaluation génétique, en particulier la suite logicielle F90 (**remf90, blupf90, thrgibbsf90**),
 - la poursuite de l'intégration de la sélection génomique,
 - la création d'un document de synthèse graphique des résultats pour les adhérents, contenant les statistiques descriptives des variables indexées, les paramètres génétiques (héritabilités et corrélations génétiques), et un tableau comparatif de différents scénarii des choix de sélection élaborés en pondérant les contraintes sur les différents caractères sélectionnés.
- Le traitement des données avicoles enregistrées en cages collectives : dans cette configuration, il est impossible de relier un œuf à la femelle qui l'a pondue. Sous réserve que les femelles d'une même cage soient toutes sœurs ou ½ sœurs, les données peuvent être associées au père des femelles de la cage collective selon un modèle d'évaluation génétique 'père'. La préparation des données par koala a nécessité un développement spécifique qui a été testé pendant toute l'année 2020. La première indexation en cages collectives avec koala a pu être faite en début d'année 2021.

D - Chaîne de traitement génomique (KOALA)

L'utilisation des données génomiques dans les analyses génétiques implique la prise en charge d'un type de données nouveau caractérisé par un très grand nombre d'enregistrements par individu. La prise en charge de ces données haut-débit a nécessité dans un premier temps l'adaptation de la base de données KOALA. Une analyse a d'abord été menée en 2018 en collaboration avec une société de services informatiques afin d'identifier des besoins de développement précis, à l'issue de laquelle un cahier des charges a été rédigé précisant les besoins spécifiques de développement. Après l'implémentation de ces besoins, une phase de test a été engagée. L'évolution rapide et continue des techniques de génotypage a amené le SYSAAF à actualiser ses besoins au cours de l'année 2020 pour la prise en charge de ces nouvelles techniques. La phase finale de validation est en cours pour une mise en service en 2021 des nouvelles fonctionnalités relatives aux données génomiques pour les secteurs avicoles et aquacoles.

E- Nouvelles procédures (KOALA)

En 2018, les capacités de la chaîne d'évaluation génétique (KOALA) avaient été enrichies avec de nombreuses nouvelles procédures (ANALYSE_OUTILERS & ANALYSE_SEUILS_OUTLIERS, NORMALISATIO_DATA, NA_PATTERNS_ANALYSIS, CONVERGENCE_VCE, CONVERGENCE_REMLF90, REPORT_COMPARE_PROPSEL, NE_PEDIGREE, INVTRANS, Describe, PloidyAGH). Ces procédures ont fait l'objet de nombreux tests expérimentaux afin d'en valider la fonctionnalité dans différentes conditions. Les validations et adaptations sont toujours en cours.



En 2020, une nouvelle action, codée en langage Python et nommée « Post_gibbsf90 » a été développée en interne au SYSAAF et intégrée à l'outil KOALA. Cette action, désormais utilisée par les salariés du SYSAAF, permet de traiter de manière automatique les sorties des modèles à seuils THRGIBBSF90 et GIBBSF90 afin de récupérer simplement les matrices d'héritabilités et de covariances des caractères analysés. Cette action permet de plus de produire un certain nombre de graphiques permettant de s'assurer de la convergence du modèle et de la structure des données.

En 2020 encore, une nouvelle procédure a aussi été développée en langage Python en vue d'aider le personnel SYSAAF dans leurs travaux de choix des reproducteurs. Cette procédure n'a pas été intégrée directement à l'outil KOALA, mais peut s'utiliser de façon indépendante. Elle permet, à partir d'un fichier de consanguinités entre deux populations (par exemple entre une liste d'individus mâles et d'une liste d'individus femelles) de re-crée la matrice complète des consanguinités entre tous ces individus, sous forme d'un tableau à double entrée. Cette action permet aussi de tracer l'histogramme des consanguinités entre les deux populations d'entrée.

F- Optimisation des choix pour des accouplements raisonnés

Des outils pour un choix d'accouplements raisonnés ont été créés pour répondre à des besoins spécifiques de certaines entreprises, non pris en charge par les programmes actuels du Pack OptiVar. L'intégration de nouvelles procédures pour ces besoins non couverts par les programmes actuels est en cours, accompagnée une refonte de l'interface des programmes.

La prise en compte des données génomiques pour la gestion de la consanguinité, en plus du pédigrée, est également en cours d'intégration. Une collaboration avec un chercheur de l'Université de Laval (Québec, Canada) est initiée pour mener ces travaux qui doivent aboutir sur 2021

G - Modélisation - Simulation

Différents travaux de simulation-modélisation ont également été réalisés dans le cadre de programmes de recherche par exemple pour développer et valider un outil d'assignation à l'espèce (Hybridation-caille, Rouger et al., 2019) ou pour comparer l'efficacité de différents schémas de sélection chez l'huître (Vivaldi, Enez & Haffray, 2020)

3-5-4 Acquisition de connaissances

Les connaissances et compétences acquises concernent en premier lieu l'ensemble des salariés du SYSAAF, mais également les autres utilisateurs des outils SYSAAF, en l'occurrence certains de nos adhérents et des chercheurs avec lesquels nous collaborons. Les outils scientifiques créés par les salariés participent à la pertinence et qualité des analyses des données expérimentales et directement ou indirectement à qualité de l'appui technique apporté aux adhérents, notamment dans le choix des candidats, ainsi par conséquent qu'à l'amélioration des performances des produits sélectionnés puis commercialisés, permettant aux acteurs français de préserver une image de qualité sur le marché international.

IV - Autres missions et services du SYSAAF

4-1 Référentiel et Audits


Le règlement intérieur du SYSAAF stipule que pour être adhérent chaque sélectionneur avicole doit avoir au moins une lignée conforme au référentiel RefAvi-SYSAAF « Mode de sélection des lignées et de production de reproducteurs parentaux avicoles ». Le RefAvi-SYSAAF ainsi que son Plan de Contrôle (PDC) ont été mis à jour en 2020, une nouvelle version, la 20.1 a donc été diffusée à l'ensemble des sélectionneurs adhérents en décembre 2020.

Les audits sont répartis à un rythme d'un tous les deux ans. Pour les lignées de volailles Label Rouge en



production de chair et d'œufs, celles-ci doivent être certifiées conformes au RefAvi-SYSAAF comme le stipule les Conditions de productions communes en label rouge. L'organisation des audits est définie dans une convention bipartite entre le SYSAAF et le SYNALAF. La nouvelle convention a été signée le 10 décembre 2020. Le certificat de conformité au référentiel SYSAAF est contrôlé par les Organismes Certificateurs lors de leur audit des couvoirs. Par ailleurs, le respect du RefAvi-SYSAAF est également exigé dans le cadre du cahier des charges de l'AOC Poulet de Bresse, ainsi que dans celui de l'IGP Sud-Ouest du PALSO concernant les productions de palmipèdes gras et de la PRM-A pour les races locales menacées d'abandon pour l'Agriculture.

En 2020, 8 audits ont été réalisés, et se sont déroulés de juillet à octobre 2020. Chaque audit mobilise 2 personnes, un auditeur qualitatif, et un auditeur généticien. M. Maxime Reverchon est auditeur qualitatif afin de pouvoir suppléer, en cas de besoin, Mme Frédérique Renard-Dewynter qui reste la responsable des Audits. Mme Sophie Brard-Fudulea et MM. Benoît Desnoues et Romuald Rouger sont auditeurs généticiens. Mme Marie-Agnès Bergeot, MM. Roland Akakpo et Armel Donkpegan en cours de formation à l'audit ont participé chacun à au moins un audit en tant qu'observateur, ils deviendront auditeur après un audit tutoré



par l'un des auditeurs généticiens. Leur formation sera complétée par une session de deux jours animée par M. Lionnel Martelin, formateur ingénieur QSE.

4-2 Prestations et/ou Services adhérents et externes

L'agrément du SYSAAF pour le "Crédit Impôt Recherche" (CIR) étant valide jusqu'au 31 Décembre 2022, les adhérents et autres acteurs, pour lesquels le SYSAAF réalise des travaux de recherche et développement, peuvent bénéficier de cet avantage au taux de 30% sur le montant des factures émises par le SYSAAF dans la mesure où elles correspondent à des travaux de R&D. 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 de R&D 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), de challenges à des pathogènes sur la Plateforme Fortior-Genetics (Annexe 10) et des analyses en spectrométrie sur la Plateforme SpecGen (Annexe 11)

En 2020, le SYSAAF a également réalisé des prestations d'audit et d'appui technique à la conduite de programme de sélection pour des entreprises étrangères. Outre les conséquences positives en termes financiers, ces implications résultent en l'acquisition de compétences sur de nouvelles espèces pouvant être mises à profit ultérieurement et nous confortent quant à la qualité de notre expertise vis-à-vis de la concurrence sur le marché international de la prestation. Deux accords ont d'ailleurs été signés avec les gouvernements de Nouvelle-Calédonie (via l'ADECAL Technopôle), et de Polynésie Française (via la Direction des Ressources Marines) concernant la gestion et l'amélioration génétique de leurs souches de crevette bleue *Litopenaeus stylirostris*, un troisième accord étant en discussion avec le gouvernement de Polynésie Française concernant l'appui technique à la mise en place de la domestication et d'une amélioration génétiques de l'huitre perlière *Pinctada margaritifera* par les éclosiers.


4-3 Service analyse de ploïdie chez les espèces aquacoles

Ce service permet aux adhérents du secteur aquacole, non équipés d'un cytomètre en flux, de valider le niveau de ploïdie de leurs lots de production. En 2020, le service d'analyse de ploïdie au SYSAAF a été sollicité par 3 adhérents pour environ 8000 individus, représentant 160 heures de travail cumulé. Les échantillons analysés étaient très majoritairement des alevins de salmonidés d'eau douce, avec une majorité de truites arc-en-ciel, mais également de la truite fario, du saumon de fontaine et de l'esturgeon sibérien.

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

Ce sont aujourd'hui des 10^{aine} de milliers de génotypages qui sont réalisés chaque année par 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). Le SYSAAF intervient dans la planification des analyses réalisées pour les espèces aquacoles sur l'année, en concertation à minima mensuellement avec les plateformes partenaires, Labogena DNA et Gentyane. Les données de génotypage sont transférées et stockées sur les bases de données du SYSAAF, puis analysées par les salariés. Au-delà de ces données quantitatives, l'investissement du SYSAAF dans le développement des outils de génotypage et plus globalement de la génomique chez nos espèces, est évoqué plus en détails par ailleurs (Cf. chapitre 3-3).

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).

Les agents du SYSAAF sont également impliqués dans différents programmes d'enseignements universitaires ou d'écoles d'ingénieurs (Annexe 6). Par ailleurs, outre l'accueil de stagiaires de niveaux master, le SYSAAF accueillait 4 doctorants bénéficiant de financement de thèse CIFRE au cours de l'année 2020 (Annexe 8).

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 règlementaires au sein des états membres, comme les directives dans le domaine du bien-être, en aient une vision harmonisée. Les formations pour lesquels Daniel Guémené est tuteur concernent les volailles. La proposition portée par le consortium coordonné par l'Institut TERRANO qui a sollicité Daniel Guémené a été validée par la DG-SANCO pour assurer l'organisation pour la 3^{ème} fois de certaines des formations BTSF, en particulier une session intitulée "Animal Welfare in broiler production" impliquant Daniel Guémené, qui a été organisée à 2 reprises en 2020.

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, 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 de près d'une 100^{aine} de communications de toutes nature est jointe en annexe de ce document (Annexe 5). Elles consistent néanmoins pour une part non négligeable en des articles scientifiques et des communications faites lors de congrès scientifiques internationaux et nationaux.

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 de nos activités, au travers d'articles et d'entrefilets évoquant les activités du SYSAAF et/ou de ses adhérents.

Une communication plus directe répondant à des besoins spécifiques est assurée auprès de nos adhérents lors de réunions techniques 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 des adhérents.

V - Partenariats du SYSAAF

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

5-1 Les partenariats institutionnels

Nos interactions avec plusieurs Directions du Ministère en charge de l'Agriculture (MAAF) sont régulières, en particulier avec la DPGE (Direction Générale de la Performance Economique et Environnementale des Entreprises) et plus spécifiquement les Bureaux de la Sélection Animale, et plus ponctuellement des Aides aux zones défavorisées et à l'agroenvironnement, ainsi que le Bureau de l'aquaculture de la Sous-direction de l'Aquaculture et de l'Economie des Pêches de la DPMA (Direction des pêches maritimes et de l'aquaculture).

Nos interactions institutionnelles fortes avec le Bureau de la Sélection Animale s'inscrivaient entre autres jusqu'en 2019 dans le contexte d'une participation de représentants du SYSAAF aux CNAG Générales, inter-espèces et scientifiques (Commission Nationale d'Amélioration Génétique), en l'occurrence le directeur et plusieurs administrateurs du SYSAAF. La CNAG qui étaient en particulier l'instance consultative permettant à la DGPE de statuer sur la pertinence d'autoriser l'ITAVI à déléguer les activités d'appui technique à la gestion génétique des espèces avicoles et aquacoles au SYSAAF, dans le cadre de la nouvelle loi sur les animaux d'élevage de 2006 (Arrêté du 31 juillet 2007). Cette délégation, dont l'objet est rapporté dans le tableau 1, a été renouvelé pour la période 2018-2022. Cette liste des espèces (Annexe 13) auxquelles s'applique cette délégation d'activité a fait l'objet de plusieurs demandes d'extension successives, qui ont toutes été validées dont la dernière lors de la CNAG du 23 Octobre 2018. Sa mise à jour permet aux représentants du Ministère d'être tenus informés des démarches de domestication et de sélection en cours chez de nouvelles espèces aquacoles et plus récemment les insectes, ayant fait l'objet de demande pour un appui technique auprès du SYSAAF, faute de pouvoir identifier d'autres structures en capacité de leur apporter l'appui technique dont elles ont besoins. En 2020, la Commission Thématique Interfilières "Ressources Zoogénétiques" et placée sous la responsabilité de FranceAgriMer reprend officiellement les missions de la CNAG Générale et indirectement celles des CNAG spécifiques sous la forme de Groupes de travail thématiques, après dissolution des CNAG par Décret du 18 décembre 2019 (no 2019-1379). L'objectif est d'accroître le dialogue et les interactions entre les acteurs situés en amont et en aval des filières et à ce titre l'institut technique de l'aviculture (ITAVI) et les interprofessions ANVOL (Filières Volailles de chair), CIPA (Espèces Piscicoles) et CNC (Espèces Conchylicoles) couvrant partiellement les champs d'actions du SYSAAF, y seront représentés.

Le SYSAAF a également des interactions importantes avec la DPMA pour l'ensemble des espèces aquacoles et en particulier la mise en œuvre des programmes du FEAMP.

Concernant les espèces avicoles, le SYSAAF poursuit son implication sur le dossier relatif à la sauvegarde des races locales de volailles, en particulier en appui aux collectifs de sauvegarde de races locales dans la mise en application de la PRM-A au niveau régional (Mesure FEADER), mais également en partenariat avec les Centres de Ressources Génétiques Régionaux. Le SYSAAF va à ce titre relancer le BLSA

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 co-constructions de projets qui résultent en de nombreuses collaborations dans des programmes de recherche et développement dont les principaux sont décomptés Figure 66.

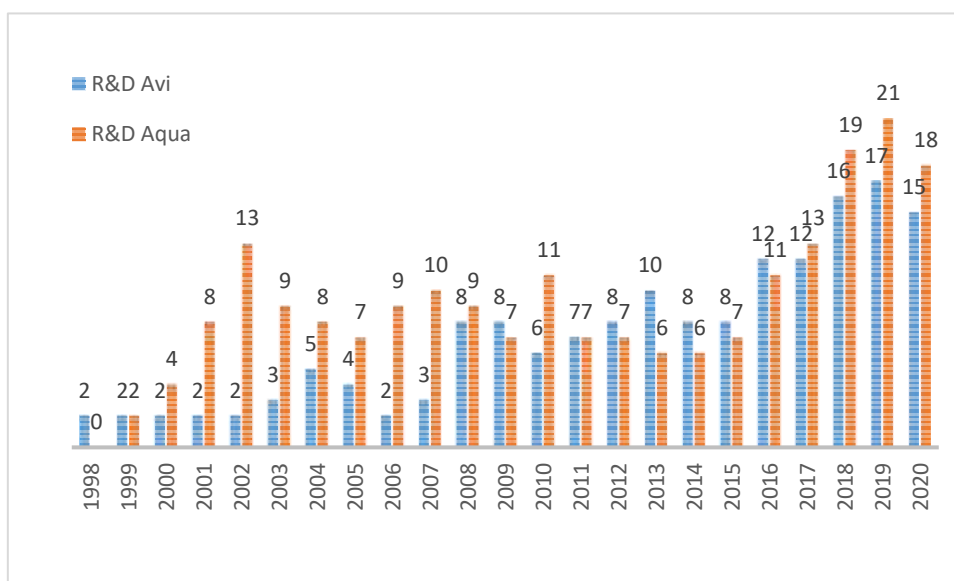


Figure 66 : Evolution du nombre de programmes de recherche et développement annuels ou pluriannuels, en cours annuellement au SYSAAF depuis 1998.

La qualité de l'expertise du SYSAAF repose sur les compétences de ses ingénieurs qui sont mises à jour dans un processus de formation continu de renouvellement des connaissances, en réalisant une veille bibliographique et en participant à des congrès scientifiques nationaux et internationaux, mais en premier lieu au travers de collaborations fortes avec les acteurs de la recherche dans le cadre de co-constructions et de participations à ces programmes de recherche. Nos partenariats avec les Instituts sont donc primordiaux.

L'année 2020 aura vu le renouvellement de l'accord cadre entre l'INRAE et le SYSAAF, ainsi que la préparation du renouvellement de l'accord cadre avec l'ANSES et la préparation de l'accord cadre avec le CNRS et l'Université de Rennes 1.

Au final c'est un grand nombre de relations partenariales qui sont tissées en prolongement de ces accords-cadres et ainsi qu'avec d'autres Instituts, et le réseau partenarial formée (Figure 67) est une force remarquable pour le SYSAAF et ses adhérents.

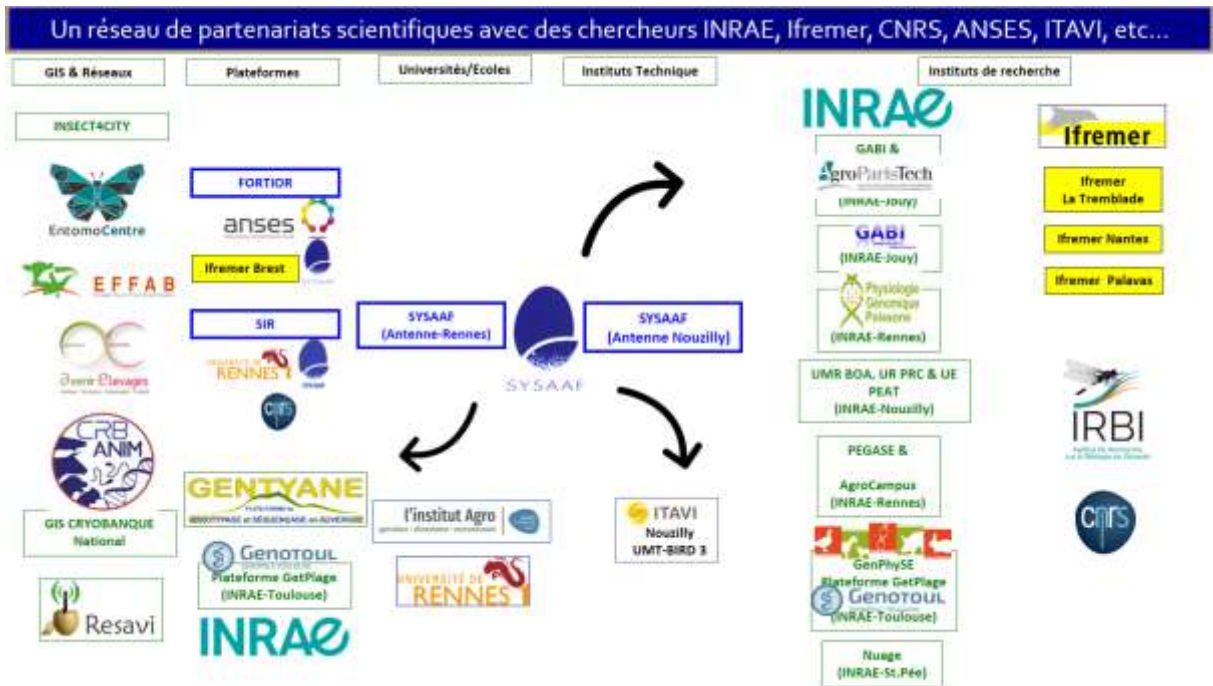


Figure 67 : Unités INRAE, Ifremer, Anses, CNRS et ITAVI avec lesquelles le SYSAAF a eu des partenariats scientifiques significatifs dans les secteurs avicole et aquacole en 2020

5-3 Les partenariats avec les partenaires du secteur privé

Les adhérents du SYSAAF sont évidemment des partenaires privilégiés du SYSAAF. Le SYSAAF collabore par ailleurs en sous-traitance avec de nombreuses entreprises (Hizkia, Biolog-ID, autres prestataires de matériel connectable) ou avec des prestataires de nos adhérents (URCEO-CREAVIA cryobanque aquacole, IMV (Paillettes et dilueurs de sperme), Plateformes de génotypage et autres laboratoires d'analyse) qui interviennent par ailleurs régulièrement comme partenaires dans des projets de recherche. Le SYSAAF est par ailleurs membre de plusieurs pôles de compétitivité comme les Pôles Aquimer, Mer Bretagne-Atlantique, Mer Méditerranée, Valorial, DREAM ; autant de pôles qui labellisent parfois certains de nos projets de R&D préalablement à leur soumission à certains AAP.

VI - Quelques perspectives pour 2021 par M.Sourdioux.

« En finir avec la crise COVID ? »

L'année 2020 restera dans les mémoires comme l'année de la pandémie de COVID-19. L'année 2021 aura malheureusement démarré sous les mêmes auspices. Cependant, que l'on soit optimiste ou résigné, après plusieurs mois de pandémie, nous avons appris à nous adapter, et l'ensemble des salariés du SYSAAF est resté mobilisé pour continuer à assurer les missions qui sont les siennes auprès des adhérents en particuliers. De nouvelles façons de travailler ce sont imposées et nul doute que cela nous incitera à réfléchir, une fois la pandémie maîtrisée, à comment profiter de cette expérience douloureuse pour être plus efficace et plus agile dans nos méthodes de travail futures. Des réorganisations sont donc sans aucun doute à imaginer pour les prochains mois, d'autant que le champ d'activité s'élargie aussi peu à peu avec une filière entomocole en plein essor, et que des technologies récentes ou récemment adaptées à nos métiers vont ouvrir de nouvelles voies de travail en sélection, en reproduction ou en gestion des populations.

« Orientations et réflexion stratégiques »


Devant ce contexte, le Conseil d'Administration a donc proposé de lancer en 2021 une vaste réflexion sur les orientations à moyen long terme du SYSAAF. C'est une occasion assez unique de réunir dans un même élan, salariés, administrateurs et salariés de toutes les structures adhérentes qui le souhaiteront. Les enjeux sont importants dans des contextes économique, sociétal, environnemental, particulièrement mouvants pour l'ensemble des entreprises de nos secteurs. Un premier travail a d'ores et déjà été mené par les salariés du SYSAAF en Mars-avril 2021 aboutissant à une synthèse des grandes questions à se poser pour notre avenir commun. Ce travail mené avec enthousiasme par les équipes va servir de base pour s'engager dans cette réflexion globale et pour aboutir à une nouvelle feuille de route pour le SYSAAF version 2022.

« Nouvelles compétences »

Au quotidien, la nature et la qualité de l'appui technique qui est apporté et la capacité à répondre dans les meilleurs délais aux besoins croissants, tant qualitativement que quantitativement, des adhérents et des partenaires dans des programmes de recherche et d'innovation toujours plus nombreux reposent sur la diversité des compétences disponibles. De fait, le renouvellement et l'accroissement des compétences au SYSAAF se poursuit en ce début d'année 2021.

Les compétences génétiques sont donc depuis janvier renforcées, avec la poursuite en CDI de Jonathan d'Ambrosio (à la suite de sa thèse CIFRE réalisée au SYSAAF et soutenue en décembre 2020), dont les principaux objectifs seront de travailler à l'optimisation des schémas de sélection, avec le recrutement en CDD de Ronan Griot (à la suite de sa thèse CIFRE réalisée au SYSAAF et soutenue en Avril 2021) et d'Emilie Delpuech (en Post-Doctorat), pour progresser sur des questions génétiques très précises que sont d'une part l'indexation de polyploïdes et d'autre part des analyses de séquences visant à identifier des mutations causales. Parallèlement, les compétences en sciences des données sont élargies avec le recrutement en CDD de deux titulaires d'un Master de statistiques, Faten Jaouahdou (modèles linéaires) et Tarek Chalioui (Machine Learning). Enfin, complétant les recrutements du premier semestre 2021, un nouveau travail de recherche commence également avec l'arrivée d'Ophélie Bernadi en thèse CIFRE à l'unité PRC INRAE de Nouzilly dans le domaine de la biologie de la reproduction des espèces poules et canards.

Fort des compétences présentes, fort de ses derniers recrutements, le SYSAAF sera plus que jamais présent sur les fronts de science en 2021, et concentrera également une partie de ces efforts à faire bénéficier aux adhérents des meilleurs outils qu'ils soient génomiques ou statistiques. L'implication croissante dans le phénotypage sera également un des axes poursuivis pour 2021, avec des



développements attendus dans les méthodes de spectrométries, dans l'utilisation du Machine Learning pour évaluer de nouveaux phénotypes, dans la mise au point de nouveaux challenges de résistance ou de robustesse...

« Envol de la filière entomocole »

Toute cette expérience collective, toutes ces compétences acquises et nouvelles devraient également permettre en 2021 une implication grandissante dans la conception des schémas de sélection sur les insectes. Les preuves de concept ont été validées, le passage à des schémas de plus grandes envergures bénéficiant peu à peu des meilleures technologies et de la rationalisation nécessaire, est en marche. Nul doute que de grandes avancées dans la production de ces lignées d'insectes sont attendues dans les prochaines années, permettant d'accompagner l'essor de cette nouvelle filière. L'Assemblée Générale du 10 juin 2021 devrait voir la ratification de l'adhésion de Ynsect et de Cycle Farms, les deux dernières entreprises à avoir sollicitées leur adhésion au SYSAAF, portant à 4 le nombre d'adhérents entomocoles.

« Nouveau contexte Français et Européen »

Toutes ces évolutions s'organisent en parallèle d'une étape importante dans la définition des orientations du développement agricole en France et en Europe. La publication attendue pour le deuxième semestre 2021 du nouveau PNDAR, le nouveau périmètre du CASDAR ou les orientations du nouveau programme pluriannuel Horizon Europe vont poser les axes dans lesquels le secteur génétique devra œuvrer.

Les contextes, les attentes telles qu'elles se dessinent déjà depuis plusieurs années en matière de durabilité, de moindre impact environnemental, de meilleure robustesse, d'économie circulaire vont être encore plus prégnants et plus directement l'objectif des plans de développement français et européen pour les productions animales.

La diversité et sa préservation de la variabilité génétique, la qualité et la sécurité des produits accompagneront sans aucun doute également les attentes de demain définies dans ces grands plans pluriannuels.


« Partenariats »

Ce sera donc une part importante des nouveaux défis que la génétique devra affronter, même si nombre de ces objectifs font déjà parties des orientations prises dans nos filières. Le SYSAAF en est conscient et face à cette nouvelle complexité, le travail collaboratif, le partenariat avec d'autres acteurs, d'autres filières sera une des réponses de demain. Certains accords de partenariat avec nos partenaires historiques ont été renouvelés récemment, avec l'INRAE en 2020, avec le CNRS et l'Université de Rennes 1 en début d'année 2021, ainsi qu'avec l'ANSES, il reste à leur donner plus de corps encore pour plus d'efficacité. Le dialogue déjà entrepris les années précédentes sera poursuivi pour intensifier les projets collaboratifs. De nouveaux partenariats sont certainement à développer, tout ce contexte s'y prête ainsi que la concurrence internationale pour nos filières. L'insertion du SYSAAF dans de grand consortium européen se poursuit également avec notre implication dans les projets H2020 Geronimo et Intact qui démarrent en juin 2021.

Les discussions avec les Instituts Techniques, l'ITAVI bien sûr, mais aussi l'IFIP (Filière porcine) et ITSAP (Filière abeille) sont en cours pour qu'ensemble, nous soyons mieux à même de répondre aux défis qui sont soumis à toutes les filières animales.

« Transfert »

Le SYSAAF, c'est aussi le transfert et la formation, car nul travail de recherche, d'innovation, dans notre contexte n'a vraiment de sens tant que son application n'a pu être à minima discutée, testée et au mieux mis en place chez l'adhérent.



C'est ainsi que furent organisées en novembre dernier, les 3ème Journées Techniques Inter Filières du SYSAAF, « Journées » qui s'apprêtent à devenir un rendez-vous régulier après celles de 2019, et les prochaines programmées pour les 18 et 19 octobre 2021. Le format webinaire de cette année a finalement permis de réunir un très grand nombre de participants, qui ont pu assister aux présentations des filières qui ne les concernaient pas directement et ainsi enrichir leur réflexion.

« Le travail de l'ombre »

Pour finir, il n'est de réussite que si l'ensemble du collectif est engagé dans un même objectif de service et de résultats. Si de nombreuses innovations et recherches génétiques peuvent être réalisées et sont visibles de tous, il n'en faut pas oublier la nécessaire organisation administrative, financière, comptable, informatique, qualité qui en arrière-plan permet à tout ce travail également d'aboutir.

Si 2021 continuera de voir se développer des activités de hautes importances pour le cœur de nos missions en génétique et biotechnologie de la reproduction, cela ne se fera pas sans un accompagnement efficace et pertinent de tous les services d'appui. Le service administratif, les services support en général, continueront d'évoluer, souvent de façon silencieuse, pour que cet ensemble soit rendu possible.

« Et si je dois conclure plus personnellement »

Alors, prendre la suite de Daniel Guémené après plus de 12 ans consacrés au développement du SYSAAF n'est évidemment pas une tâche aisée. Mes premiers mois parmi vous n'auront fait que confirmer la formidable richesse humaine qui réunit adhérents et salariés. A nous de continuer à faire fructifier ce potentiel assez unique en France pour le bénéfice de tous ; je serai pour ce qui me concerne au service de cette belle mission.



Annexe 1 : Liste des adhérents aquacoles du SYSAAF au 1^{er} janvier 2020

1 - Adhérents piscicoles du SYSAAF



Nom de l'adhérent	Statut	Espèces sélectionnées
PISCICULTURE MURGAT (S.A.S.) Sources des Fontaines, 36 Chemin du Lavoir 38270 Beaufort Tél : 04 74 79 18 98 Fax : 04 74 79 79 94. www.charlesmurgat lesfontaines@charlesmurgat	Sélectionneur 	Truite arc en ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>), Truite fario (<i>Salmo trutta</i>) & Ombre chevalier ou alpin (<i>Salvelinus alpinus</i>)
ÉCLOSERIE MARINE DE GRAVELINES Ichtus (S.A.S.) Groupe GLORIA MARIS (S.A.S.) Voie des Enrochements 59820 Gravelines Tél: 03 28 51 82 20 Fax : 03 28 65 53 40 www.ecloserie-ecloserie gloriamarisgroupe	Sélectionneur 	Bar (<i>Dicentrarchus labrax</i>)
L'ESTURGEONNIÈRE (S.A.S.) Balanos - Route de Mios - 33470 Le Tournefort Tél : 05 56 22 69 67 Fax : 05 56 22 69 info@caviarfrance www.caviar-perlita	Sélectionneur 	Esturgeon Sibérien (<i>Acipenser baeri</i>)
FERME MARINE DU DOUHET (S.A.S.) Groupe AQUALANDE (S.A.S.) Le Port du Douhet – BP 4 17840 La Brée-les-Bains Tél : 05 46 76 58 42 Fax : 05 46 76 59 81 fmd@douhet www.groupeaqualande	Sélectionneur 	Daurade Royale (<i>Sparus aurata</i>) & Bar (<i>Dicentrarchus labrax</i>)
France TURBOT – Ichtus (S.A.S.) Groupe GLORIA MARIS (S.A.S.) Le bon port - 85740 L'Épine Tél : 02 28 12 95 13 Fax : 02 28 12 95 10 www.france-turbot alliance-du-gout@franceturbot	Sélectionneur 	Turbot (<i>Scophthalmus maximus</i>)
MILIN NEVEZ (S.A.S.) Groupe LES AQUACULTEURS BRETONS (S.C.A.) et BRETAGNE TRUIE (S.A.R.L.) 180 route de Plougonven ZI de Kerbriant 29610 Plouigneau Tél : 02 98 67 75 15/ 02 96 11 95 90 www.bretagne-truite	Sélectionneur 	Truite arc-en-ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>)

<p>LUCAS PERCHES (S.A.S.) Le moulin de Cany 57170 Hampont Tél : 03 87 86 61 www.lucasperche.fr www.lucasperchesarl@orange.fr</p>	<p>Sélectionneur </p>	<p>Perche (<i>Perca fluviatilis</i>)</p>
<p>LES POISSONS DU SOLEIL (S.C.E.A.) Groupe AQUALANDE (S.A.S.) 1 rue des Trimarans 34540 Balaruc-les-Bains Tél : 04 67 48 56 77 Fax : 04 67 48 94 12 www.poissons-soleil.com contact@poissons-soleil.com</p>	<p>Sélectionneur </p>	<p>Maigre (<i>Argyrosomus regius</i>)</p>
<p>LES SOURCES DE L'AVANCE – Les Aquaculteurs Landais Groupe AQUALANDE (S.A.S.) Pisciculture de Pissos Route du Gué de Bern 40410 Pissos Tél: 05 58 05 61 00 Fax : 05 58 45 50 07 www.groupeaqualande.com aqualande@aqualande.com</p>	<p>Sélectionneur </p>	<p>Truite arc-en-ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>)</p>
<p>STURGEON (S.A.S.) Groupe KAVIAR (S.A.S.U) Pisciculture du Carillon 17240 Saint-Florent-sur-Gironde Tél: 05 57 34 45 40 www.sturgeon.fr info@kaviar.com</p>	<p>Sélectionneur </p>	<p>Esturgeon Sibérien (<i>Acipenser baileyi</i>) Esturgeon osciètre (<i>Acipenser guldenstatii</i>)</p>
<p>VIVIERS DE SARRANCE (S.A.S.) Pisciculture Labedan 64490 Sarrance Tél : 05 59 34 55 11 Fax : 05 59 34 55 49 www.oeufsdetruite.com office@sarrance.com</p>	<p>Sélectionneur </p>	<p>Truite arc en ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>)</p>


2 - Adhérents repeuplement et restauration écologique aquacoles du SYSAAF

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée
<p>MIGADO Migrateur Garonne Dordogne Charentes Seudre (Ass) 18 ter rue Garonne 47520 Le-passage-d'Agen Tél: 05 53 87 72 42 Fax : 05 53 87 00 99 www.migado.fr contact@migado.fr</p>	<p>Écloser </p>	<p>Saumon sauvage (<i>Salmo salar</i>)</p>

3 - Adhérents conchylicoles du SYSAAF

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée
MARINOVE (S.A.S.) Groupe BEAULIEU (S.A.R.L.) Le Terrain neuf – BP 305 85330 L'Épine Tél: 02 28 12 95 11 Fax : 02 28 12 95 20 www.marinove.com	Sélectionneur 	Huître creuse (<i>Crassostrea gigas</i>)
SATMAR – Société Atlantique de Mariculture (S.A.) La Saline 47 route du Val de Saire 50760 Gatteville-Phare Tél : 02 33 23 41 60 Fax : 02 33 23 12 55 www.satmar.com	Sélectionneur 	Huître creuse (<i>Crassostrea gigas</i>) Palourde japonaise (<i>Ruditapes philippinarum</i>)
VENDÉE NAISSAIN (S.C.E.A.) Groupe France NAISSAIN (S. A. S) Polder des Champs 85230 Bouin Tél : 02 51 49 74 07 Fax : 02 51 49 74 08 www.francenaisain.com info@francenaisain.com	Sélectionneur 	Huître creuse (<i>Crassostrea gigas</i>)

4 - Adhérents crevetticoles du SYSAAF

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée
ADECAL-Technopole - Association de Développement de la Calédonie (Asso) 1bis rue Berthelot Doniambo Immeuble Centre Sud 3 ^{ème} Et BP 2384, 98486 Nouméa Nouvelle Calédonie Tél : +687 24 90 77 Fax : +687 24 90 87 www.technopole.nc adecal@adecal.nc	Sélectionneur 	Crevette bleue (<i>Litopenaeus stylirostris</i>)
Blue Genetics Groupe Grimaud 3 La Corbière - Roussay 49450 Sèvremoine Tél. +33 (0)2 41 70 36 90 blue-genetics.com	Sélectionneur 	Crevette à pattes blanches (<i>Penaeus Vannamei</i>)
ARMEMENT DES MASCAREIGNES BIOTECH (S. A. S.) 5, rue Benoît Frachon – 56100 LORIENT Groupe OCÉINDE 15 Rue Soufflot 75005 Paris Tél : 01 56 81 14 14 Fax : 01 56 81 14 15 crevette.bio.com /aqua	Sélectionneur 	Crevette tigre (<i>Penaeus monodon</i>)

<p>R&O SEAFOOD GASTRONOMY (S. A.) 1 avenue des Savoies 94150 Rungis Tél : 01 45 12 70 04 Fax : 01 45 12 59 23</p> <p>www.r</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Crevette tigre (<i>Penaeus monodon</i>)</p>
---	--	---

5 - Membres associés du SYSAAF

Nom	Statut	Espèce sélectionnée
<p>DIRECTION DES RESSOURCES MARINES (DRM) – Polynésie Immeuble Lecaill – Fare-Ute BP 20 98713 Papeete Tél : (689) 40 50 25 50 – Fax : (689) 40 50 49 79</p> <p>www.ressources-marines.g drm@drm.g</p>	<p>Membre associé Sélectionneur</p> 	<p>Huitre perlière (<i>Pinctada Margaritifera</i>)</p> <p>Crevette bleue (<i>Litopenaeus stylirostris</i>)</p>




Annexe 2 : Adhérents avicoles du SYSAAF au 1^{er} janvier 2020

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée
<p>AS.POUL.BA – (ASSOCIATION POUR SAUVEGARDE DE LA POULE DE BARBEZIEUX) Mm Nicole Billon (Trésorière et secrétaire) Le Maine à Bilhou - 16300 Saint-Aula Chapelle Tél : 05 45 78 38 80 Port : 06 85 55 19 55 aspoulba@orangerie.fr www.terredesaveurs.com</p>	<p>Sélectionneur Lig à diffusion limitée tra à façon</p> 	<p>Poulet de Barbezieux <i>Gallus</i></p>
<p>CAILLES ROBIN (S.A.S) Groupe L. D. C. 16 boulevard des Capucines BP 30 85190 Maché Tél : 02 51 60 09 80 Fax : 02 51 54 20 25 www.cailles-robin.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Caille japonaise (<i>Coturnix japonica</i>)</p>
<p>CAILLOR (S.A.S.) Groupe URGASA Chemin de Bostens BP 42 40120 Sarbazan Tél : 05 58 45 78 78 Fax 05 58 45 78 69 www.caillor.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Caille japonaise (<i>Coturnix japonica</i>)</p>
<p>CENTRE DE SÉLECTION DE BÉCHANNE (S.A.R.L.) 1950 chemin de Béchanne 01370 Saint-Étienne-du-Bois Tél: 04 74 30 50 48 Fax : 04 74 30 56 78 bechanne@bechanne.com www.centrebechanne.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Poulet de Bresse & Races locales (<i>Gallus</i>)</p>
<p>GALOR (S.A.S.) Groupe GRIMAUD ZI de la Boitardière 106 chemin du Roi, BP 142 37401 Amboise cedex Siège Social : 3 La Corbière – Roussay 49450 Sèvremoine Tél : 02 47 23 34 34 Fax 02 47 57 05 03 55 www.galor-genetics.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Pintade (<i>Numida meleagris</i>)</p>

<p>GEN'ETHIC (S.C.E.A.) Groupe GIBOVENDÉE Zone artisanale La Barboire Rue des Laborantes 85500 Chambreton Tél : 02 51 91 52 54 www.gibovendee</p>	<p>Sélectionneur</p>  	<p>Faisan (<i>Phasianus colchicus</i>) Perdre rouge (<i>Alectoris rufa</i>)</p>
<p>GOURMAUD SÉLECTION (S.A.S.) Groupe ORVIA La Seigneurie – Saint-André-Treize Voies 85260 Montréverd Tél : 02 40 02 02 00 Fax : 02 40 02 02 07 contact@orvia www.orvia</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Canards communs, Barbarie, mulards et Oies (<i>Anas platyrhynchos</i>, <i>Cairina moschata</i>, <i>Anser anser domesticus</i>)</p>
<p>GRIMAUD FRÈRES SÉLECTION (S.A.S.) Groupe GRIMAUD 3 La Corbière - Roussay 49450 Sèvremoine Tél : 02 41 70 36 90 Fax : 02 41 70 31 67 grimaudfreres</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Canards de Pékin, canard de Barbarie, mulards, Oies, (<i>Anas platyrhynchos</i>, <i>Cairina moschata</i>, <i>Anser anser domesticus</i>)</p>
<p>HENDRIX GENETICS TURKEYS FRANCE (S.A.S.) Groupe HENDRIX GENETICS La Bohardière - BP 1 Saint-Laurent-de-la-Plaine, 49290 Mauges-sur-Loire 02 41 74 21 21 https://www.hendrix-genetics.com/fr/selection-animale/dinde</p>	<p>Sélectionneur</p> <p>HGTF</p> 	<p>Dinde Fermière (<i>Meleagris gallopavo</i>)</p>
<p>HUBBARD (S.A.S.) Groupe Aviagen Maugérand – BP 169 – 22800 Le Fol Tél : 02 96 79 63 70 Fax 02 96 74 04 71 contact.emea@hubbardbreeders</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Poulet de chair <i>Gallus</i> (Croissance lente & conventionnel)</p>
<p>ISA (INSTITUT DE SÉLECTION ANIMALE) (S.A.S.) Groupe HENDRIX GENETICS Zoopôle 1 rue Jean Rostand – BP 23 22440 Ploufragan Tél : 02 96 77 76 00 Fax 02 96 77 76 01 www.isa-poultry www.hendrix-genetics</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Poule pondeuse <i>Gallus</i> (œufs blancs et colorés)</p>

<p>NOVOGEN (S.A.S.) Groupe GRIMAUD Parc d'activité des Châtelets Secteur Vau Ballier 5 rue des Compagnons – 22960 Pléd Tél : 02 96 58 12 60 Fax 02 96 58 12 61 contact@novogen-layers www.novogen-layers</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Poule pondeuse <i>Gallus</i> (<i>Œufs blancs et colorés</i>)</p>
<p>SASSO (SÉLECTION AVICOLE DE LA SARTHE ET DU SUD-OUEST) (S.A.S.) Groupe HENDRIX GENETICS Route de Solférino 40630 Sabres Tél : 05 58 04 46 46 Fax : 05 58 04 46 47 sassos@hendrix-genetics www.sasso</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Poulet de chair (Croissance lente) <i>Gallus</i></p>
<p>URLAF (UNION DES RACES LOCALES AVICOLES FRANÇAISES)(Asso) Pôle BioDom'Centre URGC Place du Général de Gaulle 36400 La Châtre Tél : 09 64 09 06 66 www.urgc</p>	<p>Collectif d'associations de race diffusion limitée.</p> 	<p>Races locales de volailles : <i>Gallus</i></p>














Annexe 3 : Adhérents entomocoles du SYSAAF au 1^{er} janvier 2020

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée
<p>Innovafeed</p> <p>85 rue de Maubeuge, 75010 Paris Tél : 01 84 60 50 09</p> <p>Innovafeed</p>		<p>Mouche Soldat Noire</p> <p><i>(Hermetia illucens)</i></p>
<p>AgroNutris</p> <p>35 Boulevard du libre Échange ; 3 Saint-Orens-de-Gameville</p> <p>AgroNutris</p>		<p>Mouche Soldat Noire</p> <p><i>(Hermetia illucens)</i></p>
<p>Ynsect*</p> <p>1 Rue Pierre Fontaine, 91000 Évry- Courcouronnes</p> <p>+33 1 64 93 71 00</p> <p>ynsect</p> <p>* : en cours d'adhésion après validat lors de l'AG.</p>		<p>Ténébrion</p> <p><i>(Tenebrio molitor)</i></p>



Annexe 4 : Liste des programmes expérimentaux de Recherche et Développement impliquant le SYSAAF en 2020.

Programmes de recherche et développement terminés en 2020

	<p style="text-align: center;">NeoBio</p> <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;">2016 - 2019 (36 mois) prolongation jusqu'au 1^{er} novembre 2020</p> <p style="text-align: center;">Truite arc-en-ciel <i>Oncorhynchus mykiss</i></p>
<p>Partenaires :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   <div style="text-align: center;">     </div> </div> <p>Porteurs : INRAE</p>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - <i>Initiateur du projet</i> - <i>Participation au dimensionnement du protocole</i> - <i>Organisation d'échantillonnages à l'échelle nationale, en cheptels diploïdes et triploïdes</i> - <i>Analyses des origines génétiques des mâles spontanés</i> - <i>Valorisation des résultats, transferts à la filière</i> <p>Participants SYSAAF : A. Bestin, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p>Financiers :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> - <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> - <i>Préciser les conditions de mise en place de cette méthode thermique d'inversion sexuelle dans la gestion à long terme des cheptels.</i> 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around;">   </div>	



CanArray – CanArrayV²

Développement d'une puce de génotypage utilisable pour mettre en place des programmes de sélection génomique chez le canard commun et le canard de barba
2017 - 2019 (3 ans), prolongation jusqu'en décembre 2020
Canard Commun, Canard de Barbarie, Canard Mulard

Partenaires :

SYSAAF (Porteur)
INRAE GenPhySE (Partenaire)
INRAE PEGASE (Partenaire)
Grimaud Frères Sélection (Partenaire)
Orvia Gourmaud Sélection (Partenaire)



Rôle du SYSAAF :

- Coordination du projet
- Choix des canards à séquencer pour l'identification de SNP, et à génotyper pour tester la puce
- Suivi de l'analyse des résultats du séquençage et du choix des SNP

Participants SYSAAF : S. Brard, M. Tessier, D. Guéméné

Financeurs :

CanArray : Région Pays de la Loire,
Nouvelle-Aquitaine,
canArrayV² : AgenAvi



Région

Objectifs scientifiques :

Mise à jour du génome du canard de Barbarie, et production d'une première version du génome du canard Commun

- Acquisition de connaissances sur la diversité génétique chez le canard

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

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

Mise à disposition de listes de SNP pertinents pour la mise au point de panels d'assignation de parenté

Illustrations :



Cail'ou

Introgression génétique de la Caille japonaise dans les populations sauvages de Caille des Blés

Dans le cadre de ses missions de surveillance de la détectée avec la majorité des hybrides entre les deux

Caille japonaise (*Coturnix japonica*) Caille des
(*Coturnix coturnix*)



Budget total : 15 000€

Financier : OFB



Porteur :
OFB (Office français de la biodiversité)

Partenaire : SYSAAF



Chef de projet et Assistant SYSAAF :
Romuald ROUGER

Contact :
romuald.rouger@INRAE.fr

01/09/2019 – 30/11/2020 (15 mois)

biodiversité, l'OFB a pour objectif de mesurer les niveaux d'introgression génétique de la Caille japonaise dans les populations sauvages de Caille des Blés. Ce projet a été rendu possible par la production par le SYSAAF de marqueurs SNP et d'une méthodologie statistique ad hoc dans le cadre du programme Hybridation Cailles.

Ce travail a permis de remettre à jour les connaissances acquises lors d'une précédente étude menée en 2010 par Chazara et coll.

En se basant sur le réseau de stations de l'OFB disposées sur l'ensemble du territoire, plusieurs centaines de cailles ont été capturées pour prélèvement sanguin. L'extraction d'ADN et l'amplification a été effectuée par le laboratoire Gentyane.

Après analyse par le SYSAAF, les niveaux d'introgression se sont révélés stables depuis 2010. Néanmoins, une forte structure géographique a pu être

espèces détectés dans le Sud-Est de la France.

Les retombées du projet :

Cette étude permet à l'OFB de cibler les régions dans lesquelles les lâchers illégaux de Cailles domestiques sont les plus susceptibles d'avoir lieu. L'outil utilisé dans cette étude pourrait également être utilisé dans le cadre d'une activité de police afin de vérifier la conformité de certains élevages vis-à-vis de la législation en vigueur. Ces travaux sont prévus pour publication dans un journal avec comité de lecture au cours de 2021.

Les missions du SYSAAF

- Coordonner le génotypage des individus
- Analyse et détection des hybrides
- Rédaction d'un rapport synthétisant les principales conclusions du projet

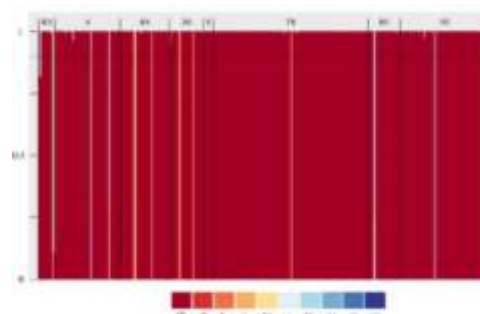


Diagramme d'assignation

Fertilichem

Etude de la chémérine dans le blanc d'œuf et de son rôle dans le développement embryonnaire

La chémérine : quel rôle chez les volailles ?

Volaille



Budget total : 62 842€

Financier : SYSAAF,



Août 2019 – Décembre 2020 (16 mois)

pourrait être un marqueur de la qualité du

Porteur :



Partenaire :



Chef de projet SYSAAF :

Maxime Reverchon

Contact :

maxime.reverchon@INRAE.fr

Dans le cadre du projet Région PREVADI, l'INRAE a produit de la chémérine recombinante de poulet ainsi que des anticorps monoclonaux anti-chémérine. Avec ces outils, nous avons montré que cette protéine était exprimée dans l'embryon de poule (Mellouk et al., 2018). Fort de ces résultats, nous avons très récemment observé la présence de la chémérine (protéine et ARN messenger) dans l'oviducte de poule et plus précisément une très forte expression dans le magnum et un peu moins dans l'infundibulum. Ces résultats ont conduit à étudier l'expression de la chémérine dans les différents compartiments de l'œuf et plus précisément dans le blanc puisque le magnum est la partie de l'oviducte responsable de la formation du blanc. Par immunoblot et ELISA nous avons montré une forte quantité de chémérine dans le blanc d'œuf et dans les membranes vitellines (membranes qui entourent le jaune et qui jouent un rôle majeur dans la fertilité/fécondation) alors qu'elle est très faiblement exprimée dans le jaune. Ces résultats sont cohérents par rapport aux récentes données protéomiques de la littérature montrant la chémérine (RARRES2) comme fortement exprimée dans le blanc d'œuf (Bilkova *et al.*, 2018). L'objectif est maintenant de savoir si la chémérine

développement embryonnaire du poussin.

Les retombées pour les sélectionneurs :

A l'issue du projet, les partenaires de la filière, disposeraient d'un marqueur de qualité du développement embryonnaire. La chémérine pourrait devenir un caractère de sélection pour les sélectionneurs de volaille.



Embryons Gallus gallus

Les missions du SYSAAF

- Déterminer si la chémérine pourrait être un marqueur de la qualité du développement embryonnaire.
- Fourniture de matériel biologique
- Analyse de biologie cellulaire et moléculaire



FaisSigne

Mise au point et développement d'un panel SNP d'assignation de parenté chez le faisan
2018-2020 (2 ans)
Faisan de Colchide

Partenaires :

SYSAAF (Porteur)
Gen'Ethic (Partenaire)
Plateforme INRAE Gentyane (Partenaire)
CNRS UMR 5554 (Partenaire)



Rôle du SYSAAF :

- Coordination du projet
- Choix des animaux à génotyper
- Choix des marqueurs pour le panel définitif

Participants SYSAAF : S. Brard-Fudulea, N. Alnahhas, D. Guémené

Financiers : Agenavi



Objectifs scientifiques :

- Apport de connaissances sur les structures de populations de faisans en gestion génétique
- Choix de marqueurs pour l'assignation de parenté

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Ressources génétiques (marqueurs moléculaires pour le faisan de Colchide)
- Mise à disposition d'un outil d'assignation de parenté

Illustrations :





Programmes de recherche et développement en cours en 2020



Aqua-FAANG
 Promouvoir l'aquaculture européenne par
 l'annotation fonctionnelle du génome
2019 – 2023 (4 ans)
*Turbot, bar européen, daurade royale, saumon atlantique,
 truite arc-en-ciel, carpe commune*

Partenaires : 22

Sigbjørn Lien **NBMU** (Porteur)



Rôle du SYSAAF :

- Assurer la diffusion et l'application des résultats du projet aux adhérents du SYSAAF

Participants SYSAAF : R. Morvezen, Y. François, P. Haffray, D. Guémené

Financeurs : Projet H2020



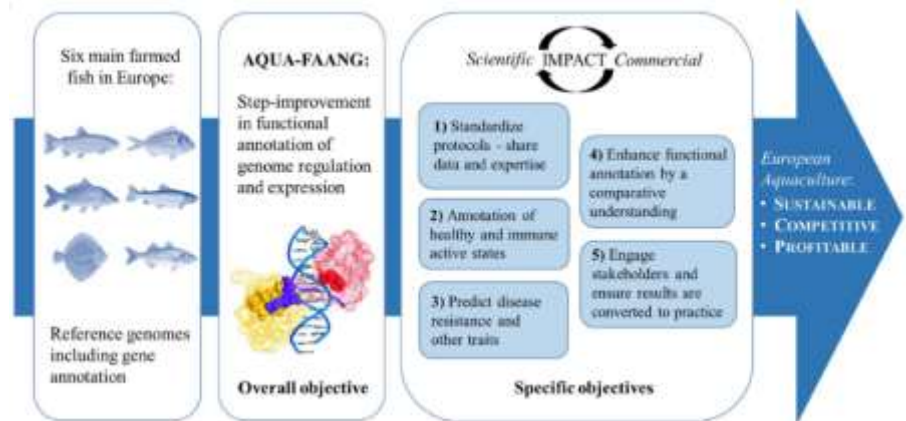
Objectifs scientifiques :

- Standardiser les protocoles d'annotation fonctionnelle
- Générer et interpréter les cartes d'annotation fonctionnelle pour des individus sains ou actifs immunitairement (challengés)
 - Prédire la résistance aux maladies et performance aux autres traits d'intérêt commercial par les cartes d'annotation fonctionnelle
- Améliorer l'annotation par les comparaisons de différents génomes
- Convertir les résultats en information utilisable pour le secteur de la sélection en aquaculture

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Envisager l'application de ces résultats dans les schémas de sélection

Illustrations :





AquaIMPACT

Innovations génomiques et nutritionnelles pour les poissons d'élevage génétiquement supérieurs afin d'améliorer l'efficacité de l'aquaculture européenne
2019 - 2022 (3 ans)

Saumon atlantique, truite arc-en-ciel, daurade royale, bar

Partenaires : 22

Natural Resources LUKE,
Finland (Porteur)



Rôle du SYSAAF :

- Estimation des paramètres génétiques des teneurs en acides gras (prédiction de la teneur en AGLPI n-3 par spectrométrie vibrationnelle de type Raman) chez la daurade
- Intéractions GxE chez le bar
- Embauche d'un CDD pour traitement de donnée sur la plateforme SIR-ScanMat (CNRS)

Participants SYSAAF : C. Ekloud Molinier, P. Haffray, A. Bestin, C. Blay,

Financeurs : H2020-BG-2018-2020 (Blue Growth)



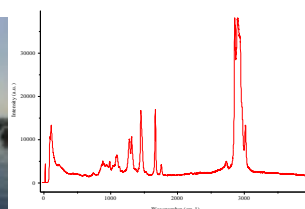
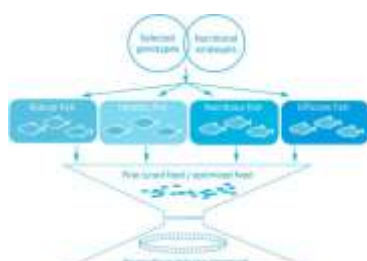
Objectifs scientifiques :

- Démontrer et valider de nouvelles techniques de sélection génomique et de stratégies nutritionnelles pour améliorer l'aquaculture européenne en minimisant l'impact environnemental
- Renforcer les programmes de sélection aquacole grâce à la sélection génomique (efficacité alimentaire, résistance aux maladies. Evaluer les interactions GxE (cage/bassin)
- Tester des nouvelles stratégies nutritionnelles personnalisées pour un poisson plus robuste, sain, nutritif et économe en ressources
- Réduire l'impact environnemental (mesure d'indicateurs environnemental)

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Prédiction de la teneur en oméga 3 chez la Daurade

Illustrations :





Infrastructures nationales en biologie et santé : **CRB Anim**
Réseau de Centres de Ressources Biologiques pour les animaux domestiques (Espèces Aquacoles)
2013 - 2020 (8 ans) prolongation jusqu'en décembre 2021
Toutes espèces aquacoles

Partenaires :

- INRAE, AgroParisTech, CNRS, VetAgroSup
- GIE LABOGENA- LABOGENA DNA, ANTAGENE, FRB



Rôle du SYSAAF :

- 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)
- Cryopréservation de ces ressources génétiques pour stockage à la Cryobanque Nationale,
- Participation à différentes expérimentations d'optimisation des procédures de congélation et au développement de panels SNP spécifiques,

Participants SYSAAF : P. Haffray, A. Bestin, A-S Tyran, D. Guémené.

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



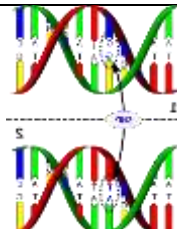
Objectifs scientifiques et techniques :

- Création d'un Réseau de Centres de Ressources Génétique
- Mise en cryobanque publique des ressources génétiques animales et domestiques
- Caractérisation de la variabilité génétique de lignées aquacoles d'intérêt commerciale

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Congélation de lignées commerciale
- 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).

Illustrations :





DADA-Eat

Efficacité alimentaire individuelle chez le tilapia et audit pour une gestion génétique du tilapia à La Réunion

2018-2021 (36 mois)

Tilapia du Nil *Oreochromis niloticus* et Tilapia hybride rouge

Partenaires :



Rôle du SYSAAF :

- Audit des pratiques de gestion et de sélection génétique du tilapia rouge (hybride à 4 espèces) à La Réunion
- Proposition de stratégie de gestion et de sélection du tilapia rouge

Participants SYSAAF : P. Haffray

Financeurs :



Objectifs scientifiques :

- Transférer au tilapia le protocole d'évaluation de l'efficacité alimentaire individuelle
- Estimer l'efficacité d'une sélection massale sur l'efficacité alimentaire
- 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

Illustrations :





GeneSea

Sélection Génomique chez le bar et la daurade
2017 - 2020 (36 mois) - Prolongé jusqu'au 31 décembre 2021
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

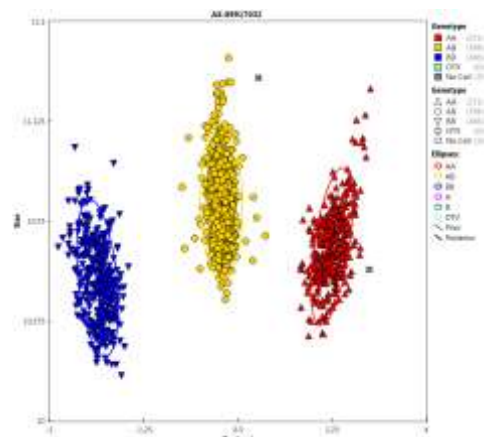
Financiers :



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 parenté)

Illustrations :





OmegaTruite

Sélection pour améliorer la teneur en acides gras longs polyinsaturés n-3 par spectrométrie de diffusion Raman

2018 - 2020 (36 mois)

Truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss*

Partenaires :
SYSAAF (Coordinateur)



Rôle du SYSAAF :

- Coordination et pilotage du projet
- Estimation des paramètres génétiques des teneurs en acides gras (prédiction de la teneur en AG 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
- Accueil et hébergement d'une CDD de la plateforme SIR-ScanMat (CNRS)

Participants SYSAAF : C. Blay, P. Haffray, F. Enez, C. Ekloud-Molinier

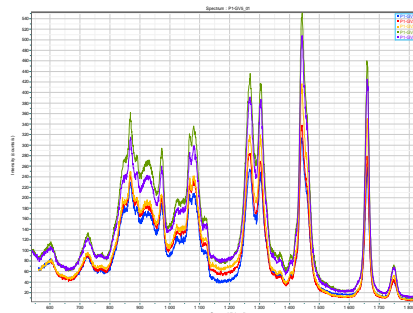
Financeurs :



Objectifs scientifiques :

- Estimer la faisabilité d'une sélection génétique pour améliorer la capacité de synthèse d'AGLPI n-3 chez la truite arc-en-ciel
- Développer des lignées de poissons moins utilisatrices de ressources naturelles issues de pêcheries et favorables à l'amélioration de la santé des consommateurs par augmentation naturelle de la teneur en acides gras essentiels

Illustrations :



	 <p>Amélioration de la compétitivité de la filière méditerranéenne 2017-2022 (60 mois) Bar et daurade <i>Dicentrarchus labrax</i> et <i>Sparus aurata</i></p>
<p>Partenaires : 28 partenaires. Coordination Université de Thessalie (K. Moutou)</p> 	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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) <ul style="list-style-type: none"> - Estimer les paramètres génétiques des caractères de production de daurade en cage et corrélations génétiques avec l'efficacité alimentaire individuelle (FMF, INRAE) <p>Participants SYSAAF : A. Bestin, P. Haffray,</p>	
<p>Financiers : H2020 (Programme Européen)</p> 	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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 	
<p>Illustrations :</p> 	

PhenoMir

Phénotypage non invasif à l'aide de microARNs circulants chez la truite arc-en-ciel
2018 – 2021 (36 mois)
Truite arc-en-ciel

Partenaires :

LPGP, INRAE (coordinateurs)



Rôle du SYSAAF :

- Veille scientifique
- Organisation d'un atelier lors des journées techniques

Participants SYSAAF : C.Blav, P.Haffray.

Financeurs : FEAMP 2018 mesure 47



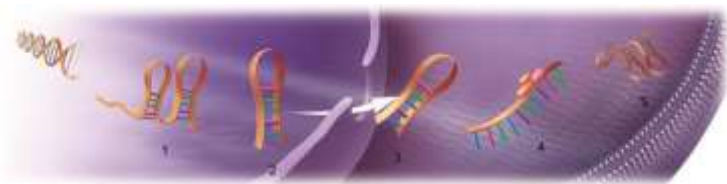
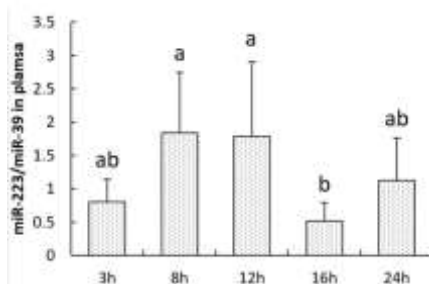
Objectifs scientifiques :

- Identification de microARNs (miARNs) circulants dans le plasma et les fluides biologiques (fluide cœlom chez la truite comme biomarqueurs de phénotypage multi caractère non invasif et rapide d'états physiologiques (réaction, statut nutritionnel, sexe, maturation sexuelle, stress et bien-être animal
- Etude de conditions d'expression en fonction de différentes situations alimentaires, de qualité d'œufs, pathologie

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Intégrer une démarche originale de développement de connaissance avec des physiologistes et pathologistes
- Etre en veille sur un domaine de R&D qui pourrait peut-être ouvrir de nouvelles perspectives d'applications

Illustrations :





QualityHuitre

Sélection génomique pour l'amélioration de la qualité de l'huître
2019 – 2021 (3 ans)
Espèces concernées : Huître creuse (Crassostrea gigas)

Partenaires :

SYSAAF (Porteur)
SATMAR
Vendée Naissain
CNRS (plateforme ScanMat)
IRSTEA



Rôle du SYSAAF :

- Coordinateur du projet
- Organisation des chantiers de mesure
- Co encadrement avec l'Ifremer d'un(e) doctorant(e) CIFRE pour l'analyse des résultats

Participants SYSAAF : R. Morvezen, F Enez, S. Brard-Fudulea, P. Haffray, D. Guémené.

Financeurs : FEAMP 2018 mesure 47



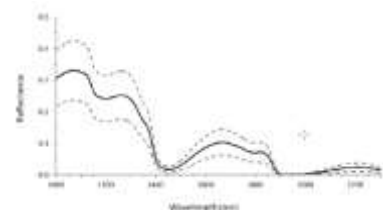
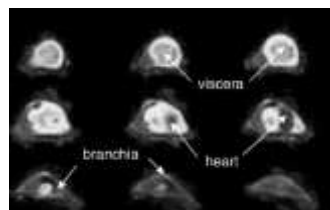
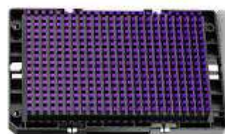
Objectifs scientifiques :

- Nouvelles méthodes de phénotypage
IRM comme prédicteur du sexe (validation d'une technique déjà existante)
IRM comme prédicteur du rendement en chair
Spectro (NIR ; Raman) pour la mesure des teneurs en lipides, protéines et glycogène
-> Paramètres génétiques sur tous ces caractères
- Intérêt de la génomique pour la sélection ostréicole, sur ces caractères (et les caractères classiques)

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Étude sur la possibilité de sélection sur de nouveaux caractères
- Évaluation des potentialités de la sélection génomique chez l'huître

Illustrations :





RésiPal

Sélection génétique de la palourde japonaise, *Ruditapes philippinaum*, pour la résistance à la maladie de l'anneau brun

2017 - 2019 (18 mois) prolongation jusqu'au 31 mars 2021

Palourde japonaise *Ruditapes philippinaum*

Partenaires :



Rôle du SYSAAF :

- Estimer les paramètres génétiques associés à la maladie de l'anneau brun et aux caractéristiques physiologiques et morphologiques chez la palourde

Participants SYSAAF : F. Enez, C. Blay, P. Haffray, D. Guémené

Financeurs :



Objectifs scientifiques :

- Estimer la faisabilité d'une sélection génétique pour la résistance à la maladie de l'anneau brun
- Mesurer l'impact de la maladie de l'anneau brun sur les caractères physiologiques et morphologique de la palourde japonaise

Illustrations :





SELFIE

SELECTION for Feed efficiEncy

2019 – 2022 (36 mois)

Bar

Partenaires :

Ifremer (coordinateur)



Rôle du SYSAAF :

- Responsable du workpackage 2 Analyse génétique et génomique
- Indexation génomique multi-caractères
- Organisation d'un atelier lors des journées techniques pour une restitution des résultats auprès de la filière

Participants SYSAAF : C.Blay, P.Haffray.

Financeurs : FEAMP 2018 mesure 47



Objectifs scientifiques :

- Optimiser la stratégie de phénotypage de l'efficacité alimentaire du bar
- Optimiser les méthodes génomiques d'indexation des candidats à la sélection pour l'indice de conversion
- Comparer les méthodes de sélection de l'indice de conversion et l'impact de cette sélection sur le métabolisme énergétique et les rendements productifs (taux de gras, rendement de carcasse...)

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Le SYSAAF fera une restitution auprès de la filière pour transférer l'intérêt des indexations multi caractères à la profession pour améliorer la sélection sur l'efficacité alimentaire
- Mis en place d'une stratégie de sélection génomique de l'indice de conversion du bar et inclusion du caractère dans l'index de sélection pour EMG
- Objectif général de « blue growth »; réduction impact environnemental de la production de bar
- Mieux appréhender l'architecture génétique, génomique et physiologique de l'efficacité alimentaire du bar
-

Illustrations :





SG-Truite

Sélection Génomique chez la truite Arc-en-Ciel
2016 - 2020 (55 mois) Prolongé jusqu'au 31 décembre 2021
Truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss*

Partenaires :



INRA
SCIENCE & IMPACT



GENTYANE
PLATEFORME DE
BIOTYPAGE et SÉQUENÇAGE en ALVERGNE

Rôle du SYSAAF :

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

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

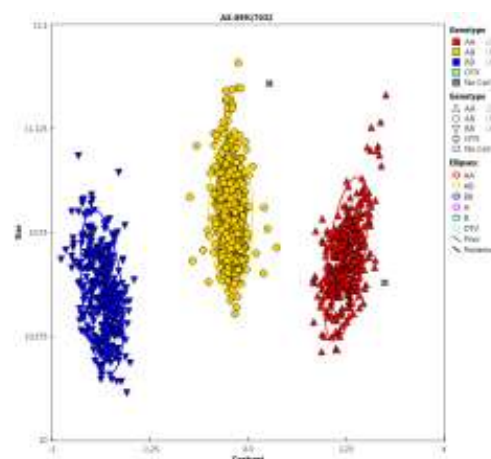
Financeurs : FEAMP mesure 47



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 utilisés
- Formuler des programmes de sélection génomique adaptés (taille de la population de référence, nombre de SNPs utiles...)

Illustrations :





Siber'Sex

Amélioration de la filière caviar chez l'esturgeon sibérien par un contrôle génétique
la production de populations monosex femelle

2017 - 2020 (36 mois) Prolongé jusqu'au 30 novembre 2021

Esturgeon sibérien *Acipenser baerii*

Partenaires :



STURGEON



Rôle du SYSAAF :

- Mise en œuvre des protocoles de création d'animaux expérimentaux par gynogenèse méiotique en étroite collaboration avec l'Esturgeonnière et Sturgeon
- Valorisation des résultats et accompagnement des sélectionneurs pour produire des populations monosex femelle

Participants SYSAAF : A. Bestin, F. Enez, P. Patrice, P. Haffray, D. Guémené

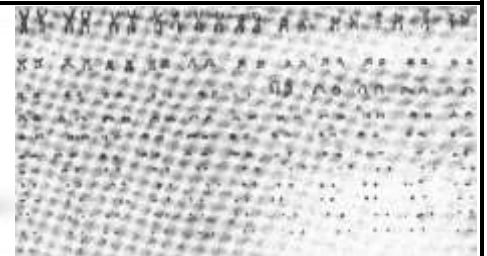
Financeurs : FEAMP mesure 47



Objectifs scientifiques :

- Caractériser le déterminisme du sexe chez l'esturgeon sibérien grâce au séquençage complet du génome et la création d'une carte génétique
- Mettre au point un test de sexage génétique
- Développer une stratégie de production d'animaux « tout femelle »

Illustrations :





S'STURGEON

Développement d'outils et de stratégies de sélection génomique pour l'amélioration
filière caviar d'esturgeon en France

2019 – 2021 (36 mois)

Esturgeon du Danube *Acipenser Gueldenstaedtii*

Esturgeon Sibérien *Acipenser Baerii*

Partenaires :

INRAE –LPGP (porteur)

CNRS-MGX

INRAE-SIGENAE

INRAE-GDEC

SYSAAF



Rôle du SYSAAF :

- Collecte et phénotypage du matériel animal
- Validation et optimisation de la sélection génomique
- Transfert à la profession

Participants SYSAAF : P. Patrice, A. Bestin, R. Morvezen

Financeurs : FEAMP mesure 47



Objectifs scientifiques :

- Analyse et séquençage du génome d'une espèce polyploïde : l'Esturgeon du Danube (*A. gueldenstaedtii*)
- Développement d'une puce génomique 600k marqueurs et bi-espèce (*A. gueldenstaedtii* et *A. baerii*) [ressources génomiques issues du projet FEAMP SiberSex]
- Mise en place et développement de la sélection génomique chez deux espèces d'esturgeons (*A. gueldenstaedtii* et *A. baerii*)

Illustrations :





3S (Seabass, Sex and Stress)

Rôle et contrôle de l'effet du stress dans la masculinisation des juvéniles de bar
2018 - 2020 (36 mois) Prolongé jusqu'au 28 février 2021
Bar commun *Dicentrarchus labrax*

Partenaires :



Rôle du SYSAAF :

- Détermination des alternatives zootechniques d'intérêt selon les contraintes de la filière
- Rédaction d'une méthodologie opérationnelle de sexage précoce du bar
- Valorisation des résultats et transferts à la filière

Participants SYSAAF : P. Patrice, P. Haffray, D. Guémené

Financeurs : FEAMP mesure 47



Objectifs scientifiques :

- Déterminer le rôle du stress précoce dans la masculinisation du bar commun
- Tester différentes conditions environnementales (notamment lumière et densité) visant à diminuer le nombre de mâles et ainsi à augmenter la proportion de femelles dans les populations
- Définir un protocole d'élevage opérationnel permettant de maximiser le nombre de femelles produites indépendamment de leurs caractéristiques génétiques

Illustrations :





Turboost

Amélioration du turbot à la résistance à *Edwardsiella tarda* et corrélations génétiques avec les caractères de production et de qualité

2018 - 2021 (36 mois)

Turbot *Scophthalmus maximus*

Partenaires :



Rôle du SYSAAF :

- Coordination du projet
- Conseil pour le développement d'un nouvel outil d'assignation à parenté
- Mise au point d'une épreuve infectieuse contrôlée à *Edwardsiella tarda*
- Participation au phénotypage
- Estimation des paramètres génétiques
- Valorisation des résultats pour la filière turbot

Participants SYSAAF : A. Bestin, C. Bloy, Y. François, D. Guémené, P. Haffray

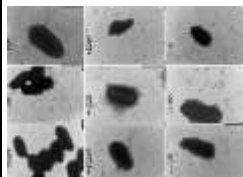
Financeurs : FEAMP mesure 47



Objectifs scientifiques :

- Disposer d'un panel d'assignation à parenté avec des marqueurs SNPs
- Appréhender l'héritabilité de la résistance à une maladie du turbot
- Appréhender les corrélations génétiques entre caractères de croissance à différentes tailles, résistance pathogène, caractères de production (rendements et morphologie)
- Disposer de prédicteurs des rendements de découpe par mesures non létales
- Proposer à la filière turbot un schéma de sélection plus opérationnel intégrant les résultats acquis dans cadre de Turboost

Illustrations :





Infrastructures nationales en biologie et santé : **CRB Anim**
Réseau de Centres de Ressources Biologiques pour les animaux domestiques (Espèces Avicoles)

2013 - 2020 (8ans) prolongation jusqu'à juin 2022

Espèces avicoles

Partenaires :

INRAE (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 INRAE.

- 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 : M. Reverchon, 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 :



ChickTip

Monitoring Précoce de la Qualité des Poussins

Poule *Gallus gallus*



Budget total : 590 686 €

Financier :

Subventions CAS DAR 298 518€,

SYSAAF 43 000€

14 novembre 2017 – 30 juin 2021 (44 mois) pro
jusqu'au 30 juin 2022

ChickTip : Un monitoring précoce de la qualité des poussins pour une production de viande plus durable

La robustesse des poulets de chair à croissance rapide est aujourd'hui mise en cause avec des conséquences négatives sur la santé des animaux, leur bien-être de même que l'image de la filière. L'intensification de l'élevage associée à la diminution des intrants rendent la phase de démarrage des animaux particulièrement critiques mettant en relief l'importance de la qualité des poussins. Dans le cadre du projet ChickTip, la collaboration entre l'INRAE, l'ITAVI et le SYSAAF a permis de mettre en œuvre de nouveaux outils d'évaluation multicritère de la qualité du poussin à différents stades de développement.

L'étude de ces outils permet d'établir des corrélations entre la qualité du poussin avec des phénotypes de types

Porteur :



Partenaires :



Chef de projet et Assistant SYSAAF :

Roalnd Akakpo/ Marie-Agnès Bergeot

Contact :

roland.akakpo@INRAE.fr

marie-agnes.bergeot@INRAE.fr

macro, de type longitudinal et aussi des caractères physiologiques. Ces résultats sont en cours de validation au travers d'une expérimentation. Cette validation devrait à posteriori, permettre de définir de nouveaux critères de sélection, allant dans le sens d'un compromis entre production, robustesse et qualité du produit pour une production plus durable de la viande.

Les retombées pour les sélectionneurs :

A l'issue du projet, des marqueurs de qualité du poussin devraient être disponibles. Ces marqueurs permettraient désormais de faire de la sélection garantissant la bonne qualité du poussin, gage d'un meilleur démarrage des animaux.

Les missions du SYSAAF

- Analyse statistique multivariés des données d'élevages
- Analyses génétiques des données d'élevages
- et des données longitudinales
- - Participation à la définition de nouveaux critères de sélection en lien avec la qualité des poussins
- - Participation aux chantiers de mesures de phénotypes





Fertimâle

Finalisation d'un test diagnostique de fertilité des mâles reproducteurs en élevage
2019-2021 (durée 2 ans)
Coq Gallus

Partenaires : 5

INRAE UMR-PRC Centre Val de Loire
INRAE, UMR-PNCA
SYSAAF
ISA
Hubbard



Rôle du SYSAAF :

- Enquête chez les sélectionneurs. Établir l'état des lieux des besoins des sélectionneurs. Cerner les conditions possibles de mise en place de nouveaux tests d'analyse de la qualité de la semence sur le terrain.
- Recrutement des sélectionneurs et des élevages.
- Collecte et traitement des échantillons de semence.
- Contribution à la modélisation

Participants SYSAAF : M. Reverchon, D. Guémené.

Financeurs : CRB-Anim



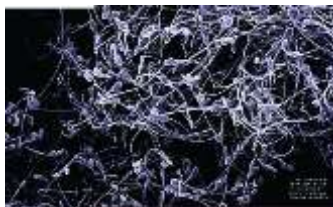
Objectifs scientifiques :

- Développer un nouveau test prédictif de la qualité de la semence des animaux (Protéomique)

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Une nouvelle méthode d'analyse de la semence qui serait prédictive dans le temps de la fertilité des coqs

Illustrations :





GibAdapt

Etudier le "Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement de descendants, sa transmission épigénétique et ses conséquences adaptatives" chez une espèce modèle, la caille japonaise et une espèce de gibier, la perdrix rouge.

2018-2021 (3 ans)

Caille, Perdrix rouge

Partenaires : InterProchasse

Université de Rennes 1

INRAE

IMPCF

(Porteur) : SYSAAF



Rôle du SYSAAF : Coordinateur

- le SYSAAF : - est responsable de la communication entre les Parties, et coordonne notamment les échanges d'informations relatives aux Connaissances antérieures et Connaissances nouvelles entre les Partenaires scientifiques ; - coordonne l'action des Parties au quotidien ; - assure le suivi de l'avancement de la réalisation des travaux ; - convoque les Comités de pilotage, rédige et diffuse les compte-rendus, tient les registres des comptes rendus, et, de manière générale, assure le secrétariat du Projet.

Participants SYSAAF : M. Charrier, D. Guémené, M. Reverchon

Financeurs :

Interprochasse, ANRT, SYSAAF



Objectifs scientifiques :

- Mettre en évidence les facteurs environnementaux générant ces influences maternelles prénatales et analyser leurs conséquences sur les capacités d'adaptation des descendants. Cette première étude sera réalisée chez la caille japonaise, en laboratoire, ce qui permettra de tester différentes conditions de milieu, les liens entre les effets comportementaux et modifications physiologiques et neurologique, et la transmission de ces effets sur plusieurs générations.

- Analyser les effets de ces influences maternelles prénatales et de facteurs postnatales sur la perdrix rouge, notamment sur les capacités d'adaptation, de survie et de reproduction des oiseaux, en milieu d'élevage mais aussi en milieu naturel, via le suivi d'oiseaux relâchés

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Développer des outils et solutions favorisant l'adaptation, la survie et la reproduction des gibiers d'élevage en milieu naturel dans une perspective de gestion durable des populations de gibiers

Illustrations :



INRAE

PPILOW

Poultry and pig low-input and organic production system's welfare.
Le bien-être des volailles et du porc dans le système de production bio.

Date (60 mois) (2019-2024)

porcin, volaille

Partenaires :
INRAE (Porteur)
(Partenaire)



WAGENINGEN
UNIVERSITY & RESEARCH



AARHUS UNIVERSITY



Rôle du SYSAAF : Le SYSAAF fédère les professionnels de la sélection de poule pondeuse et les représente dans le consortium de PPILOW. En outre, le SYSAAF contribue activement aux travaux de recherche du Work Package N° 5.2 portant sur l'évaluation du potentiel de production des croisements à double objectif dans différents environnements en vue d'explorer de nouvelles voies de valorisation des poussins mâles d'un jour issus de la filière ponte.

Participants SYSAAF : N.Alnahhas, M. Reverchon, D Guémené.

Financeurs : Horizon 2020



Objectifs scientifiques :

- Identifier les obstacles au bien-être des volailles et des porcs élevés en plein air biologiques et à faibles intrants
- Co-crée, avec les utilisateurs finaux, des stratégies et des techniques innovantes de sélection, et d'élevage
- Tester expérimentalement et sur le terrain le potentiel des innovations identifiées
- Réaliser des analyses multicritères de la sélection la plus prometteuse

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Un inventaire des pratiques d'élevage en plein air et avec faibles intrants
- Les attentes des citoyens en ce qui concerne le concept du « bien-être unique »
- Nouvelles connaissances sur les capacités d'adaptation de la volaille et des porcs et sur les effets de l'interaction entre la génétique et l'environnement pour améliorer le bien-être, l'utilisation optimale de l'espace extérieur et éviter les mutilations et les comportements nuisibles.

Illustrations





QuailHeatE

Mécanismes épigénétiques du conditionnement précoce à la chaleur chez la caille
2016-2020 (4 ans)
Caille

Partenaires :

- Coustham, Anais Vitorino Carvalho.

INRAE, UMR BOA, équipe MOQA : Vincent

SYSAAF : Pa



Rôle du SYSAAF :

- Définir les plans d'accouplements des différentes lignées utilisées par le projet QuailHeatE.

Participants SYSAAF : R. Rouger, B. Desnoves.

Financeurs : ANR QuailHeatE



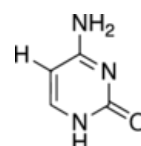
Objectifs scientifiques :

- Décrire les effets épigénétiques d'une manipulation de température d'incubation des œufs sur les performances des individus éclos.
- Mettre en évidence les marques épigénétiques du génome causées par une manipulation de température d'incubation.
- Vérifier la transmission trans-générationnelle des modifications épigénétiques causées par la manipulation de température d'incubation.

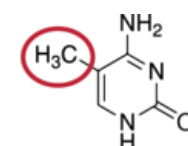
Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Meilleure compréhension des mécanismes épigénétiques et de leur effet sur les performances individuelles.
- Prise en compte de la composante épigénétique dans l'évaluation des candidats à la sélection.

Illustrations :



Cytosine



methylated Cytosine



Nouveaux programmes de recherche et développement soumis et accepté pour un financement en 2020

HypoTemp

Sélection pour des truites arc-en-ciel robustes, résistant mieux aux variations des conditions de milieu (hypoxie et température)

Truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss*



Budget total : 1 130 089.74 €

Financier : FEAMP 2019,



1^{er} mars 2020 – 1^{er} mars 2023 (36 mois)

La truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss* : une espèce d'eau froide sensible aux variations des conditions de milieu liées au changement climatique global.

L'objectif général du projet HypoTemp est d'étudier le déterminisme génétique et les possibilités de sélection de la résistance aux stress hypoxiques et hyperthermiques chez la truite arc-en-ciel. Cette espèce piscicole est en effet sensible au changement climatique global susceptible d'induire des dégradations des taux d'oxygène et de la température, autant en valeur absolue qu'en amplitude des fluctuations autour de la valeur moyenne. Ces dégradations des conditions thermiques et d'oxygénation, induites notamment par le changement climatique, sont à l'origine de problématiques telles que l'augmentation de la mortalité, l'augmentation des pressions pathogènes, la diminution de l'ingéré, et des pertes de croissance. Des solutions techniques existent pour gérer ces paramètres de qualité d'eau, cependant elles sont coûteuses et fortement énergivores.

Les missions du SYSAAF

- Coordonner l'élevage de poissons par les trois entreprises de sélection
- Réaliser les challenges thermiques et hypoxiques sur les populations des sélectionneurs
- Participer à l'estimation des paramètres génétiques des caractères de robustesse et leurs corrélations avec les caractères de

Porteur :



Partenaires :



Chef de projet et Assistant SYSAAF :

Pierre PATRICE / Yoannah FRANCOIS

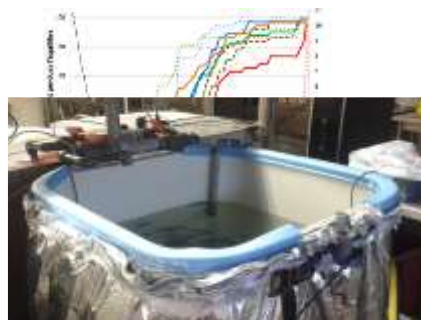
Contact :

pierre.patrice@INRAE.fr

yoannah.francois@INRAE.fr

Les retombées pour les sélectionneurs :

Obtenir des poissons sélectionnés génétiquement sur leur robustesse à partir de challenges hypoxiques et hyperthermiques constitue ainsi une alternative intéressante. Ces poissons obtenus par sélection pourraient en effet être diffusés dans toutes les piscicultures, y compris celles qui ne disposent pas des moyens techniques pour lutter contre les variations de milieu. Cela permettrait donc aux entreprises d'être moins dépendantes aux conditions de milieu et d'être plus résilientes face au changement climatique.



Bassin thermo-régulé

Phénomix

Sélection phénotypique chez les espèces aquacoles

Truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss*
Daurade royale *Sparus aurata*
Huitre creuse *Crassostrea gigas*



Budget total : **671 135,59 €**

Financier : **FEAMP**



1^{er} janvier 2020 – 31 décembre 2022 (36 mois)

Porteur :



Partenaires :



Chef de projet et Assistant SYSAAF :

Sophie Brard-Fudulea/ Florian Enez

Contact :

sophie.brard-fudulea@INRAE.fr

florian.enez@INRAE.fr

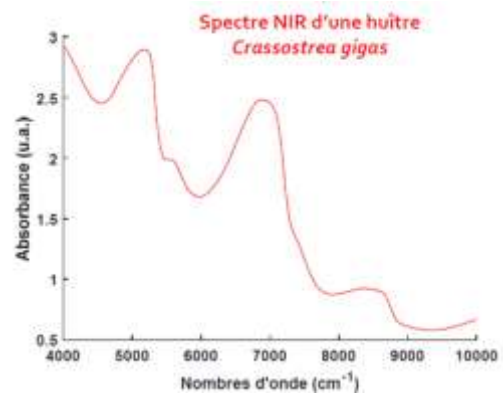
La sélection phénotypique : une alternative à la sélection génomique ?

Le passage à la sélection génomique est en cours dans plusieurs espèces aquacoles (truite arc-en-ciel, bar, daurade, huitre creuse et crevette à patte blanche), afin d'améliorer la précision des évaluations génétiques pour des caractères non mesurables sur les candidats à la sélection. Sur des espèces végétales, il a été montré que des matrices de ressemblances calculées sur la base de données de spectroscopie pouvaient donner dans des évaluations génétiques des résultats aussi précis que des matrices de ressemblance génomique basées sur des marqueurs SNP. L'objectif de Phénomix est de valoriser des données de spectroscopie acquises sur trois espèces aquacoles pour vérifier si la sélection phénotypique, moins coûteuse que la sélection génomique, pourrait fonctionner sur ces espèces. Un jeu de données existant sur la truite sera complété par le phénotypage de la génération suivante, afin de tester la possibilité de combiner dans une même analyse des spectres acquis sur différentes générations.

Les retombées pour les sélectionneurs :

Les missions du SYSAAF

- Coordination du projet
- Réalisation des analyses de spectroscopie
- Recrutement-encadrement du post-doc qui réalisera les analyses de sélection phénotypique
- Gestion des interactions pour la mise à disposition des données
- Valorisation des résultats et organisation d'une journée technique sur l'utilisation de la spectroscopie vibrationnelle



A l'issue de Phénomix, les sélectionneurs du SYSAAF sauront si la sélection phénotypique peut être envisagée comme une alternative à la sélection génomique ou non, et de premiers éléments seront disponibles sur les conditions d'utilisation future des spectres (mono-génération ou inter-génération, spectres NIRS ou RAMAN, prise de spectre sur le gras ou le muscle). Une journée technique sera organisée pour restituer les résultats du programme.

RedOUT

Maîtrise du développement du muscle rouge chez la truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*)

Truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss*



Budget total : 641 584,73 €
Financier : FEAMP



1^{er} janvier 2020 – 31 décembre 2022 (36 mois)

Maîtriser le développement du muscle rouge chez la truite arc-en-ciel pour réduire son impact sur les produits fumés.

La production de truite arc en ciel en France s'oriente de plus en plus vers des poissons de grande taille destinés à la fumaison. La présence du muscle rouge, facilement repérable par sa couleur brune, est fortement préjudiciable pour la vente. Outre l'aspect visuel, le muscle rouge riche à des défauts de flaveur. C'est pourquoi certains cahiers des charges imposent aux transformateurs d'éliminer ce muscle, entraînant une perte en matière première et donc une perte économique. La caractérisation du muscle rouge doit permettre de mieux appréhender les mécanismes liés à sa croissance, son rôle vis-à-vis des capacités natatoires de l'animal et les facteurs génétiques de son développement. Ces résultats apporteront des éléments indispensables pour la mise en place d'une sélection afin de réduire l'impact économique du muscle rouge pour les producteurs et les transformateurs.

Les retombées pour les sélectionneurs :

Les conséquences potentielles d'une diminution des capacités natatoires seront étudiées et les paramètres génétiques associés à la proportion de muscle rouge seront évalués. Des méthodes de mesure non létales de

ce muscle seront également mises en place au cours du

Porteur :

Partenai

Chef de projet et Assistant SYSAAF :
Florian ENEZ / Pierre PATRICE

Contact :
florian.enez@INRAE.fr
pierre.patrice@INRAE.fr

projet. Ces résultats permettront d'envisager l'introduction de ce caractère comme un objectif de sélection dans les programmes des entreprises françaises et ainsi limiter son impact économique.



Darne de truite

Les missions du SYSAAF

- Développer une méthode de mesure non létale du muscle rouge par ultrason
- Estimer les paramètres génétiques de la proportion de muscle rouge

NewTechAqua

New technologies, Tools and Strategies for a Sustainable, Resilient and Innovative European Aquaculture

Huitre creuse *Crassostrea gigas*



Budget total : 6 000 000€

Financier : EU H2020 grant (No 862658)



1^{er} janvier 2020 – 31 décembre 2023 (48 mois)

Chef de projet et Assistant SYSAAF :

Romain MORVEZEN/ Pierrick HAFFRAY

Contact :

romain.morvezen@INRAE.fr

pierrick.haffray@INRAE.fr

Porteur : Université de Bologne, Italie.



Partenaires :



Consiglio Nazionale
delle Ricerche

ICHTHYOKALLIERGEIES
ARGOSARONIKOU ANONYMI
ETAIRIA CASALI ROBERTO

Le principal objectif du projet NewTechAqua est d'étendre et de diversifier la production aquacole européenne de poissons, de mollusques et de microalgues en développant et en validant des applications technologiquement avancées, résistantes et durables.

Le SYSAAF est impliqué dans la partie résistance aux pathogènes des mollusques. Trois challenges sont envisagés sur les familles expérimentales de l'Ifremer : un challenge OsHV-1, un challenge *Vibrio aesturianus*, et une co-infection par les deux pathogènes. Ces

expérimentations permettront de mieux comprendre les bases génétiques de la résistance aux pathogènes chez les mollusques.

Les retombées pour les sélectionneurs :

A l'issue du projet, les partenaires de la filière ostréicoles disposeront d'une avancée substantielle quant à la connaissance des mécanismes de la co-infection, et des paramètres génétiques associés. Ces informations seront transférées aux sélectionneurs ostréicoles pour adapter les programmes de sélection.

Les missions du SYSAAF

- Accompagner son partenaire l'Ifremer dans le design et l'exploitation d'un challenge de co-infection OsHV-1 et *Vibrio aesturianus*
- Comprendre les bases génétiques de la de la résistance à la co-infection
- Transférer les résultats d'un tel challenge

Nouvelles Technologies Génétiques (NTG)

Quelle acceptabilité des Nouvelles Technologies Génétiques en élevage ?

Le GIS Avenir Élevages se fixe comme objectif d'arriver à une vision partagée sur les enjeux et les risques liés à l'utilisation des NTG, en ayant d'une part

construit à partir des résultats obtenus va être diffusé aux professionnels européens de la sélection génétique et du milieu agricole. Il vise à obtenir des résultats quantitativement significatifs permettant de mieux

Financier : **Gis Avenir-Elevages et partenaire**

14 avril 2020 – 30 novembre 2021 (12 mois ETI)

Chargée d'études :

Raphaëlle Duclos

Comité de suivi : **Jean-Pierre Bidanel, Elsa Delanoue, Anne-Charlotte Dockès, Laurant Journaux, Michel Sourdioux**

Contact :

raphaelle.duclos@INRAE.fr



une veille technologique sur le sujet, en recueillant aussi les points de vue de différents opérateurs, experts et acteurs sociétaux ayant exprimé un avis sur la question. En menant une série d'entretiens avec des opérateurs des secteurs de la sélection et de la recherche, et plus largement des représentants du monde agricole et de la société civile, il s'agit de cartographier les différentes positions des partisans comme des opposants à l'utilisation

comprendre la distribution des différentes positions. En se positionnant à l'échelon européen, ce questionnaire permettra de saisir les spécificités françaises, si elles existent.

de ces techniques et de saisir l'ensemble des arguments mobilisés.

L'étude concerne les filières des ruminants, du porc, de la volaille et du poisson.

Cette première enquête qualitative sera complétée

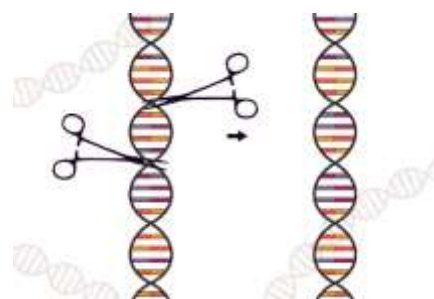
Les missions du SYSAAF

- Recrutement d'une chargée d'études

Les retombées pour les sélectionneurs

- Panorama des positions existantes vis-à-vis des NTG
- Meilleure connaissance de la question

par une approche quantitative. Un questionnaire en ligne



Représentation figurée d'une modification ciblée du génome

Crédits : Image par LjNovaScotia de Pixabay

RufAssign

Développement de la reproduction en volière des cheptels de perdrix en sélection (*Alectoris rufa* et *Perdix perdix*): optimisation des conditions d'élevage des reproducteurs et mise au point des outils moléculaires de suivi du pedigree

Perdrix rouge *Alectoris rufa*
Perdrix grise *Perdix perdix*



Budget total : 90 671€

Financier : Région des Pays de la Loire



23 novembre 2020 – 31 décembre 2022 (25 m

Porteur



Partenaire



Chef de projet SYSAAF :
Sophie Brard-Fudulea

Contact :

sophie.brard-fudulea@INRAE.fr

Garantir l'enregistrement du pedigree et la conservation de la variabilité génétique tout en répondant aux attentes sociétales

La gestion de la diversité et l'amélioration des populations de perdrix rouge et de perdrix grise nécessitent de réaliser le suivi du pedigree des animaux, via l'élevage des reproducteurs en couples séparés placés en cages. Ce mode d'hébergement ne correspond plus aux attentes de la société en matière de bien-être animal. L'alternative à la cage consiste à élever les reproducteurs en groupe, en volières. Dans ce mode d'élevage, le comportement reproducteur de la perdrix est méconnu, et il est actuellement impossible de suivre la généalogie des perdreaux.

L'objectif de RufAssign est de définir les conditions possibles d'élevage en groupe des reproducteurs de deux espèces de perdrix, *Alectoris rufa* et *Perdix perdix*, et de mettre au point les outils d'analyse de l'ADN indispensables à la reconstitution du pedigree.

Le projet RufAssign fait suite à un précédent projet ayant permis la découverte de marqueurs de l'ADN chez les gibiers avicoles. Dans RufAssign, le comportement reproducteur de perdrix élevées en groupe avec différents effectifs et sex-ratio sera étudié, grâce à la construction d'installations spécifiques et à la mise au point d'un outil d'assignation de parenté.

Les missions du SYSAAF

- Préparation des listes de marqueurs SNP
- Choix des marqueurs SNP pour le panel définitif
- Assignation de parenté des perdrix issues des volières
- Analyse des résultats de reproduction

Les retombées pour les sélectionneurs :

- De nouvelles connaissances sur les performances de reproduction des perdrix élevées en groupe, avec un sex-ratio équilibré et avec un sex-ratio déséquilibré, permettant de privilégier l'une ou l'autre de ces modalités pour la mise en œuvre de l'élevage en groupe des reproducteurs

- La disponibilité d'un panel de marqueurs SNP pour chacune des deux espèces de perdrix, permettant la reconstitution du pedigree, le sexage précoce, et chez

la perdrix rouge la détection de l'hybridation avec la perdrix choukar.

PalmiP

Sauvegarde des races patrimoniales de palmipèdes de Normandie

**Canard de Rouen,
Canard de Duclair**
(*Anas platyrhynchos*)



**Oie de Normandie, oie huppée
de Normandie** (*Anser
anser domesticus*)



Porteur :
CSRAN (Collectif pour la
Sauvegarde des Races Avicoles
Normandes)



Partenaire :



Budget total : **140 000€**
Financier : **FEADER Programme,**
développement rural Eure, Seine-Maritime, Rég
Normandie,

Chef de projet et Assistant SYSAAF :
Daniel GUÉMENÉ/ Romuald ROUGER



Contact :
daniel.guemene@INRAE.fr
romulad.rouger@INRAE.fr

1^{er} sept. 2019 – 1^{er} sept. 2022 (36 mois)

Le CSRAN dispose d'un pool génétique important en palmipèdes normands. Le partenariat avec le Parc Naturel Régional donne la possibilité de disposer de terrains dédiés à l'élevage de troupeaux témoins en Duclair, Rouen, Oie normande et Oie normande huppée.

L'objectif principal de ce programme est donc de gérer la diversité génétique des palmipèdes normands en connaissant au plus près leur généalogie. Cette connaissance permettra la mise en place des schémas de plans d'accouplements rationalisés donnant la possibilité de développer et de sécuriser les filières naissant autour de ces palmipèdes. Le partenariat avec Fili@vet/Réseau Cristal et le SYSAAF consistant notamment en un plan de génotypage haute densité, permettra de surcroît d'assigner les animaux testés tout en respectant pleinement leurs besoins physiologiques, comportementaux et les demandes sociétales (bien-être animal).

Les retombées pour les sélectionneurs - éleveurs :

Pérenniser la filière par une structuration, un accompagnement financier et technique des éleveurs pour une valorisation économique de ces espèces orientées sur un commerce de niche, sur une consommation locale ou auprès des restaurateurs. La sauvegarde et la préservation de ces variétés issues du patrimoine normand est un impact positif en termes d'attractivité régionale.



Oies huppées normandes

Les missions du SYSAAF

- Sélectionner des reproducteurs initiaux pour les quatre races.
- Choisir des plans d'accouplement, et constituer des parquets de reproduction
- Contribution à la réalisation des livres généalogique de chacune des races.

SeqOccIn

Séquençage Occitanie Innovation pour une meilleure connaissance des génomes

Le projet SeqOccIn a pour objectif de permettre à

Poule *Gallus gallus*

Caille *Coturnix japonica*



Budget total : **6M €**

Financier : **FEDER / Région Occitanie**



Janvier 2019 – Décembre 2021 (3 ans)

Porteur :



Partenaires :



Chef de projet et Assistant SYSAAF :

Sophie BRARD-FUDULEA / Daniel GUEMENE

Contact :

sophie.brard-fudulea@INRAE.fr

daniel.guemene@INRAE.fr

GenoToul d'acquies une expertise avancée sur les nouvelles technologies de séquençage « longs fragments » et « molécule unique », par comparaison des technologies disponibles, et identification des combinaisons de technologies à mettre en œuvre en fonction des résultats souhaités. Le projet s'intéresse à trois niveaux d'étude : le génome (connaissance de la variabilité du génome, ponctuelle et structurale), l'épigénome (étude des marques épigénétiques de régulation de l'expression du génome), et les métagénomes (connaissance fine des communautés).

Les retombées pour les sélectionneurs :

Pour les sélectionneurs, les retombées attendues sont l'accès à une plateforme d'analyse à même de proposer les technologies les plus adaptées en terme de besoins et de coûts pour des projets de R&D génomique : assemblage de génomes, identification de variants structuraux, génotypage par séquençage, identification de marques de méthylation

Les missions du SYSAAF

- Assurer le lien entre chercheurs et sélectionneurs pour la mise en place d'un protocole de recherche de marques de méthylation en fonction du cycle de ponte chez *Gallus gallus*

Annexe 5 : Liste des publications-communications des agents du SYSAAF en 2019

1 - Articles primaires publiés dans périodiques à comité de lecture ou ouvrages

- 1- Allal, F., Griot, R., Phocas, F., Brard-Fudulea, S., Morvezen, R., Bestin, A., Haffray, P., François, Y., Morin, T., Ponce, C., Vergnet, A., Cariou, S., Brunier, J., Bruant, J-S., Peyrou, B., Gagnaire, P-A., Vandeputte, M., 2020. **Genotyping of 4 European sea bass families with the DlabCHIP SNPs genotyping array.** SEANOE. <https://doi.org/10.17882/75696>
- 2- Allal, F., Griot, R., Phocas, F., Brard-Fudulea, S., Morvezen, R., Bestin, A., Haffray, P., François, Y., Morin, T., Ponce, C., Vergnet, A., Cariou, S., Brunier, J., Bruant, J-S., Peyrou, B., Gagnaire, P-A., Vandeputte, M., 2020. **Axiom DlabCHIP, a 57K SNPs genotyping array for European sea bass (*Dicentrarchus labrax*): array design and genetic map.** SEANOE. <https://doi.org/10.17882/75680>
- 3- D'Ambrosio, J., Bestin, A., Brard-Fudulea, S., Phocas, F., Morvezen, R., Dupont-Nivet, M., Perez, A., Haffray, P., Poncet, C., 2020. Genetic architecture and genomic selection of female reproduction traits in rainbow trout. *BMC genomics*. 21(1):558. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-06955-7>
- 4- Feron, R., Zahm, M., Cabau, C., Klopp, C., Roques, C., Bouchez, O., Eché, C., Valière, S., Donnadiou, C., Haffray, P., Bestin, A., Morvezen, R., Acloque, H., Euclide, P., Wen, M., Jouanno, E., Scharl, M., Postlethwait, J. H., Schraidt, C., Christie, M., Larson, W., Herpin, A., Guiguen, Y., 2020. Characterization of a Y-specific duplication/insertion of the anti-Mullerian hormone type II receptor gene based on a chromosome-scale genome assembly of yellow perch, *Perca flavescens*. *Molecular Ecology Resources*. 20:531–543.
- 5- Frasin, C., Phocas, F., Bestin, A., Charles, M., Bernard, M., Krieg, F., Dechamp, N., Ciobotaru, C., Hozé, C., Petitprez, F., Milhes, M., Lluch, J., Bouchez, O., Poncet, C., Hocde, P., Haffray, P., Guiguen, Y., Quillet, E., 2020. Genetic determinism of spontaneous masculinisation in XX female rainbow trout: new insights using medium throughput genotyping and whole-genome sequencing. *Scientific reports*. <https://doi.org/10.1101/2020.04.28.057240>.
- 6- Griot, R., Phocas, F., Brard-Fudulea, S., Morvezen, R., Bestin, A., Haffray, P., François, Y., Morin, T., Poncet, C., Vergnet, A., Cariou, S., Brunier, J., Bruant, J-S., Peyrou, B., Vandeputte, M., 2020. **Genome-wide association studies for resistance to viral nervous necrosis in three populations of European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) using a 57K SNP chip.** *Aquaculture*. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.735930>
- 7- Kuhl, H., Guiguen, Y., Höhne, C., Kreuz, E., Du, K., Klopp, C., Lopez-Roques, C., Yebra-Pimentel, E.S., Ciorpac, M., Gessner, J., Holostenco, D., Kleiner, W., Kohlmann, K., Lamatsch, D.K., Prokopov, D., Bestin, A., Bonpunt, E., Debeuf, B., Haffray, P., Morvezen, R., Patrice, P., Suci, R., Dirks, R., Wuertz, S., Kloas, W., Scharl, M., Stöck, M. 2020 (pre-print). A 180 My-old female-specific genome region in sturgeon reveals the oldest known vertebrate sex determining system with undifferentiated sex chromosomes. *Philosophical Transactions B*. <https://doi.org/10.1101/2020.10.10.334367>
- 8- Piégu, B., Arensburger, P., Beauclair, L., Chabault, M., Raynaud, E., Coustham, V., Brard, S., Guizard, S., Burlot, T., Le Bihan-Duval, E., Bigot, Y., 2020. Variations in genome size between wild and domesticated lineages of fowls belonging to the *Gallus gallus* species. *Genomics* 112, 1660–1673. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2019.10.004>
- 9- Prchal, M., Kocour, M., Vandeputte, M., Vergnet, A., Zhao, Z., Gela, D., Kaspar, V., Genestout, L., Bestin, A., Haffray, P., Bugeon, J., 2020. Morphological predictors of slaughter yields using 3D digitizer and their use in a common carp breeding program. *Aquaculture*. 520:734993.
- 10- Smits M., Enez F., Ferraresso S., Dalla Rovere G., Vetois E., Auvray JF., Genestout L., Mahla R., Arcangeli G., Paillard C., Haffray P. and Bargelloni L., 2020. Potential for Genetic Improvement of Resistance to *Perkinsus olseni* in the Manila Clam, *Ruditapes philippinarum*, Using DNA Parentage Assignment and Mass Spawning. Published in *Frontiers in Veterinary Science*. DOI: 10.3389/fvets.2020.579840



11- Vandeputte, M., Fraslin, C., Haffray, P., Bestin, A., Allal, F., Kocour, M., Prchal, M., Dupont-Nivet, M. 2020. How to genetically increase fillet yield in fish: relevant genetic parameters and methods for the estimation of genetic gain. *Aquaculture*. 519: 734877.

12- Zhao, J., Prchal, M., Palaiokostas, C., Houston, R., Kause, A., Bugeon, J., Vandeputte, M., Vergnet, A., **Bestin, A.**, Vesely, T., Pokorova, D., Piackova, V., Pojezdal, L., Genestout, L., Gela, D., Kroupova, H., Kocour, M., 2020. Genetic relationship between koi herpesvirus disease resistance and production traits inferred from sibling performance in Amur mirror carp. *Aquaculture*. 520: 734986.

13- Estienne A, Brossaud A, **Reverchon M**, Ramé C, Froment P, Dupont J. Adipokines Expression and Effects in Oocyte Maturation, Fertilization and Early Embryo Development: Lessons from Mammals and Birds. *Int J Mol Sci*. 2020 May 19;21(10):3581. doi: 10.3390/ijms21103581. PMID: 32438614; PMCID: PMC7279299.

14- Estienne A, **Reverchon M**, Partyka A, Bourdon G, Grandhaye J, Barbe A, Caldas-Silveira E, Rame C, Nizański W, Froment P, Dupont J. Chemerin Impairs In Vitro Testosterone Production, Sperm Motility, and Fertility in Chicken: Possible Involvement of Its Receptor CMKLR1. *Cells*. 2020 Jul 1;9(7):1599. doi: 10.3390/cells9071599. PMID: 32630345; PMCID: PMC7408590.

2 - Synthèses publiés dans périodiques à comité de lecture

3 - Articles publiés dans périodiques sans comité de lecture

4 - Communications courtes dans congrès et symposiums internationaux

15- Blay, C., **Haffray, P.**, Phocas, F., **D'Ambrosio, J.**, Dechamp, N., **Enez, F.**, Petit, V., Prado, E., Nazabal, V., Corraze, G., Dupont-Nivet, M. 2020. Genetics architecture of fatty acids profile estimated indirectly by Raman spectroscopy in rainbow trout. 6th International Symposium on Genomics in Aquaculture, GIA2020, 22-24 April 2020, Grenada (Spain).

16- Prado E., **Eklouh-Molinier C.**, **Enez F.**, Blay C., Dupont-Nivet M., Labbé L., Petit V., Moréac A., Taupier G., **Guemene D.**, **Haffray P.**, Corraze G., Causeur D., Nazabal V., 2020. Prediction of fatty acids in the rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*: a Raman scattering spectroscopy approach. Oral presentation at the 22nd International Conference on Transparent Optical Networks (ICTON), 19-23/07/2020, Bari, Italy. DOI: 10.1109/ICTON51198.2020.9203514

17- Fraslin, C., Phocas, F., **Bestin, A.**, Charles, C., Dechamp, N., Krieg, F., Milhes, M., Lluch, J., Bouchez, O., Poncet, C., Hocdé, P., **Haffray, P.**, Guiguen, Y., and Quillet, E., 2020. Fine mapping of QTL associated with spontaneous masculinisation in XX-female rainbow trout. 6th International Symposium on Genomics in Aquaculture, GIA2020, 22-24 April 2020, Grenada (Spain).

18- Smits, M., **Enez, F.**, Ferraresso, S, Dalla, G., Rovere1, Vetois, E., Auvray, J-H., Genestout, L, Mahla, R., Paillard, C., Haffray, P., Bargelloni, L., 2020. First steps towards selection in the Manila clam, *Ruditapes philippinarum*. 112th Annual Meeting NSA conference, March 29 – April 2, 2020. Baltimore.

5 - Communications courtes dans des congrès scientifiques et symposiums nationaux

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

19- **Bergeot, M-A.**, **Alnahhas, N.**, 2020. **OptiDiv : Gestion optimisée de la diversité des lignées commerciales et des races locales de volailles.** Journées Techniques Interfilières du SYSAAF. Webinaire, 8-9 décembre 2020. (Présentation orale)

20- **Besson, M.**, 2020. **PERFORMFISH : Paramètres génétiques de l'efficacité alimentaire chez la daurade.** Journées Techniques Interfilières du SYSAAF. Visioconférence, 8 décembre 2020

21- **Bestin, A.**, **Haffray, P.**, 2020. **Faits marquants 2019 et perspectives pour 2020 pour le SYSAAF.** *Assemblée Générale du LPGP*. Rennes, 10 janvier 2020.

22- **Bestin, A., Morvezen, R.**, 2020. Dimorphisme sexuel de la croissance et monosexage femelle assisté par marqueur du sexe chez la perche. *Journées Techniques Interfilières du SYSAAF*. Visioconférence, 8 décembre 2020.

23- **Bestin, A.**, 2020. Derniers résultats de l'effet des nouveaux essais de traitements thermiques après l'éclosion sur le sexe de la truite. *Journées Techniques Interfilières du SYSAAF*. Visioconférence, 8 décembre 2020.

24- **Brard-Fudulea, Guémené, D.**, Bierne, N., Liautard, C., Jaffrelo, L., Poncet, C., Bourasseau, D., Tricoire, S., Gaganair, P.-A. 2020. Mise au point et développement d'un panel SNP d'assignation de parenté chez le faisan. Conseil Scientifique de l'ITAVI, 8 septembre 2020. (Présentation orale)

25- **Brard-Fudulea, Guémené, D.**, Bierne, N., Liautard, C., Jaffrelo, L., Poncet, C., Bourasseau, D., Tricoire, S., Gaganair, P.-A. 2020. FaisSigne : développement d'un panel d'assignation de parenté chez le faisan. Journées Techniques Inter-filières du SYSAAF. Webinaire, 8-9 décembre 2020. (Présentation orale)

26- **Charrier, M.**, 2020. Le projet GibAdapt – Conséquences adaptatives d'une transmission épigénétique d'effets maternels chez la caille japonaise et la perdrix rouge. 3èmes Journées Techniques Inter-filières du SYSAAF, 08-09 décembre 2020. Présentation orale en visioconférence.

27- **D'Ambrosio, J.**, 2020. Intérêt et optimisation de la sélection génomique chez la truite arc-en-ciel. Journées Technique Inter-filières du SYSAAF. Webinaire, 8-9 décembre 2020. (Présentation orale)

28- **Enez F.**, Phocas F., 2020. Vers l'assignation et l'indexation génétique entre et chez les polyploïdes. Oral presentation at 3èmes Journées techniques inter-filières SYSAAF, 08-09/12/2020, Visio-conférence

29- Fauchet, L., 2020. Programme de restauration du saumon atlantique sur le Bassin Garonne Dordogne : Evaluation de l'efficacité de la restauration écologique du saumon Atlantique dans le bassin Garonne-Dordogne grâce aux empreintes génétiques. Journées Techniques Interfilières du SYSAAF. Visioconférence, 8 décembre 2020.

30- **François, Y.**, 2020. Turboost : vers une sélection pour améliorer la résistance des turbots à l'edwardsiellose. Journées Techniques Interfilières du SYSAAF. 8-9 décembre 2020

31- **François, Y.**, 2020. Agrément à l'expérimentation animale des Sites de sélection R&D et phénotypage fin de caractères de robustesse ou de résistance à des pathologies. Journées Techniques Interfilières du SYSAAF. 8-9 décembre 2020.

32- **Guémené, D.**, 2020. Compte Rendu d'Activité Administratif et Financier du SYSAAF 2019. Assemblée Générale "Ordinaire" du SYSAAF 2020. *Les Épesses, 24 Septembre 2020*, (Présentation orale)

33- **Guémené, D.**, 2020. Le Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français... Un acteur historique de l'appui technique à la sélection génétique des filières avicoles et aquacoles, au service des filières entomocoles. Visioconférence DGPE-BSA, 14 Octobre 2020. (Présentation orale)

34- **Guémené, D.**, 2020. Le Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français... Un acteur historique de l'appui technique à la sélection génétique des filières avicoles et aquacoles, au service des filières entomocoles. Visioconférence, 10 Décembre 2020. (Présentation orale)

35- **Guémené, D.**, 2020. Propositions pour le développement d'une section entomocole au SYSAAF. Visioconférence, 26 Juin 2020. (Présentation orale).

36- **Guémené, D.**, 2020. Missions et activités du SYSAAF. Conseil Scientifique de l'ITAVI. Paris, 8 Septembre 2020. (Présentation orale).

37- **Guémené, D.**, 2020. Amélioration génétique des espèces avicoles et aquacoles : Point de vue des "Professionnels" BordeauxSciencesAgro, 3^{ème} Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. S9 Filières Animales Durables. Module "Amélioration génétique des populations animales d'élevage", Visioconférence, 16 Décembre 2020. (Présentation orale).

38- **Guémené, D.**, 2020. Bien-être et systèmes d'élevage au sein des filières avicoles : Le vent du changement confronté aux enseignements de l'expérimentation. BordeauxSciencesAgro, 3^{ème} Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. S9 Filières Animales Durables. Module "Bien-être animal". Visioconférence, 3 & 9 Novembre 2020. (Présentation orale).

39- **Haffray, P., Bestin, A.**, Phocas, F., Fraslin, C., 2020. NEOBIO : Réunion de diffusion des résultats à l'ensemble des entreprises de sélection de truite arc-en-ciel adhérentes au SYSAAF. Visioconférence, 17 avril 2020.

40- **Reverchon M.**; Labas V., Eloy R.; **Daniel Guémené**; Boichard M.T., Vitorino Carvalho A., Fagnoul F., Faure M., Blesbois E. 2020. La protéomique : n test diagnostique de la fertilité des mâles ? 3èmes Journées Techniques Inter-filières du SYSAAF, 08-09 décembre 2020. Présentation orale en visioconférence.

41- **Reverchon M., Rouger R.**, Guigue A., Meunier L., Bressac C., **Donkpegan A.** 2020. Tout ce que vous avez toujours voulu savoir sur le sexe des mouches, sans jamais oser le demander. 3èmes Journées Techniques Inter-filières du SYSAAF, 08-09 décembre 2020. Présentation orale en visioconférence.

42- **Reverchon M.**, Steinfeldt S., Roinsard A., Baldinger, L. Tavares O., Germain K., Burlot T., Faure M., Chenot colin A. 2020. PPILOW : Poultry and pig low - input and organic system's welfare : A la recherche d'une génétique à double fin en réponse à un questionnement éthique. 3èmes Journées Techniques Inter-filières du SYSAAF, 08-09 décembre 2020. Présentation orale en visioconférence.

43- **Rouger R.** -2020- Hybridation Caille & Caill'ou : Balance ton hybride dans la nature ; Journées techniques inter-filières du SYSAAF (8-9 Décembre 2020)

44- **Teissier, M.**, Thébault, N., Riquet, J., Diot, C., **Brard-Fudulea, S., Guémené, D.**, Alletru, B., Cornil, M., Bouleau, P., Blanchet, M., Le Mignon, G., Demeure, O., Vignal, A. 2020. CanArrayVé : Validation & Valorisation de la puce de génotypage développée pour la mise en place des programmes de sélection chez le canard commun et le canard de Barbarie. Conseil Scientifique de l'ITAVI, 8 septembre 2020. (Présentation orale)

45- Vandeputte M., Corraze G., **Enez F., Haffray P.**, Doerflinger J., Horat M., Petit V., Terrier F., Larroquet L., Espirat T., Skiba S., Dupont-Nivet M., 2020. Genotype x nutrition interaction in rainbow trout: effects on growth and feed utilization. Oral presentation at General Assembly AqualImpact, 11-13/02/2020, Las Palmas, Spain.

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

46- Feron, R., Jouanno, E., Lopez-Roques, C., Cabau, C., Zahm, M., **Bestin, A., Morvezen, R.**, Schaerlinger, B., Chardard, D., Lecocq, T., Boucaud, G., Ferrando, F., Donnadiou, C., **Haffray, P.**, Klopp, C., Guiguen, Y. 2020. Sexage génétique chez la perche européenne *Perca fluviatilis* et amélioration de sa production par l'utilisation de populations monosexes femelles. Rapport final du projet SEX'NPERCH. (FEAMP mesure 47). 12p.

8 - Documents diplômants (Agents et Stagiaires encadrés)

47- **Bergeot M-A.**, 2020. Etude de la pertinence des effets fixes introduits dans les modèles d'évaluation génétiques utilisés au SYSAAF. Département Agrosociétés, Université François-Rabelais de Tours, Rapport de stage de Master Durabilité et Qualité dans les filières de Productions Animales . 40p. (Encadrant SYSAAF : Romuald Rouger).

48- **D'Ambrosio, J.**, 2020. Intérêt et optimisation de la sélection génomique chez la truite arc-en-ciel. Manuscrit de thèse 232p. (Encadrants SYSAAF : **Haffray, P., Morvezen, R., Brard-Fudulea S.**)

49- **Faucher, L.**, 2020. Evaluation de l'impact de la restauration écologique du saumon Atlantique dans le bassin Garonne-Dordogne grâce aux empreintes génétiques. Agro Campus Ouest, Mémoire de fin d'études d'ingénieur de l'Institut Supérieur des Sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage. 35p. (Encadrant SYSAAF : **Anastasia Bestin**).

50- **Pantel N.**, 2020. Transmission transgénérationnelle des influences maternelles prénatales chez la caille japonaise (*Coturnix c. japonica*), Université de Rennes 1, Rapport de stage de Master 1. 25p. (Encadrants SYSAAF : **Marion Charrier**).

9 - Documents internes et Rapports

51- **Brard-Fudulea S.** 2020. Rapport FaisSigne : mise au point d'un panel d'assignation de parenté chez le faisán *Phasianus colchicus* (8p)

- 52- **Brard-Fudulea S.** 2020. SNPoie : Développement de ressources SNP et mise au point d'un panel d'assignation de parenté pour la reproduction naturelle de l'oie *Anser anser* (14p)
- 53- **Fauchet, L.**, 2020. Evaluation de l'impact de la restauration écologique du saumon Atlantique dans le bassin Garonne-Dordogne grâce aux empreintes génétiques. Agro Campus Ouest, Mémoire de fin d'études d'ingénieur de l'Institut Supérieur des Sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage. 35p. (Encadrant SYSAAF : **Bestin, A.**).
- 54- Feron, R., Jouanno, E., Lopez-Roques, C., Cabau, C., Zahm, M., **Bestin, A., Morvezen, R.**, Schaerlinger, B., Chardard, D., Lecocq, T., Boucaud, G., Ferrando, F., Donnadiou, C., **Haffray, P.**, Klopp, C., Guiguen, Y. 2020. Sexage génétique chez la perche européenne *Perca fluviatilis* et amélioration de sa production par l'utilisation de populations monosexes femelles. Rapport final du projet SEX'NPERCH. (FEAMP mesure 47). 12p.
- 55- **Guémené, D.**, 2020. Compte-Rendu du Conseil d'Administration du SYSAAF du 7 Février 2020. 8p et 2 annexes. Document interne (Communication orale et Diaporama [45 Diapositives]).
- 56- **Guémené, D.**, 2020. Compte-Rendu du Conseil d'Administration du SYSAAF du 13 Mai 2020. 7p et 3 annexes. Document interne (Visioconférence, Communication orale et Diaporama [22 Diapositives]).
- 57- **Guémené, D.** 2020. Compte-Rendu du Conseil d'Administration du SYSAAF du 24 Septembre 2020. 3p et 1 annexe. Document interne.
- 58- **Guémené, D.** 2020. Compte Rendu d'Activité du SYSAAF 2019. 178p.
- 59- **Guémené, D.** 2020. Programme Génétique Avicole et Aquacole National 2020 (PNDAR). Action élémentaire 3 : Gestion du patrimoine zoogénétique et de la biodiversité d'espèces Avicoles et Aquacoles. Programme Génétique Animale CASDAR 775. 24p.
- 60- **Guémené, D.** 2020. Dossier CIR SYSAAF : Fiche descriptive du projet R&D conduit par le SYSAAF en 2019. 70p.
- 61- **Rouger R.**, Villers A., **Guémené D.**, Eraud C. -2020- Evaluation du niveau d'introgession génétique de *Coturnix japonica* dans les populations naturelles de *C coturnix* en France ; Rapport d'analyse
- 62- **Sourdioux, M., Guémené, D.** 2020. Compte-Rendu du Conseil d'Administration du SYSAAF du 17 Novembre 2020. 6p et 2 annexes. Document interne. (Visioconférence, Communication orale et Diaporama [42 Diapositives]).
- 63- **Teissier, M.** 2020. Rapport CanArrayV² partie 1 – Validation de la puce multi-espèces canard (50p)
- 64- **Teissier, M.** 2020. Rapport CanArrayV² partie 2 – Création d'une puce d'assignation pour les espèces de canards Commun, Barbarie et Mulard (35p)

Annexe 6 : Formations suivies par les agents du SYSAAF en 2020 (Liste non-exhaustive)

1- Formations externes suivies par les agents du SYSAAF en 2020

- 1 Initiation à R. Sandrine Laguarrigue. Rennes, 23-24 janvier 2020. **Bestin A..**
- 2 Formation Expérimentation Animale - Espèces Rongeurs Lapins - Niveau Concepteur. 7 journées + e-formation, Sept. - Oct. 2020. **Charrier M.**
- 3 MOOC avec certification - Vivre avec les autres animaux. 1 journée, Mars 2020. **Charrier M.**
- 4 Rédaction d'articles scientifiques en anglais. 3 jours, Octobre 2020, **Florian Enez**
- 5 Excel VBA, 10h octobre 2020, **Frédérique Renard-Dewynter.**
- 6 Management des hommes et des équipes – 1^{ère} session, Mots d'Action, 2 jours, novembre 2020, **Sophie Brard-Fudulea, Anastasia Bestin**
- 7 Management des hommes et des équipes – 2^{ème} session, Mots d'Action, 2 jours, décembre 2020, **Sophie Brard-Fudulea, Anastasia Bestin**
- 8 Veille documentaire, Information Scientifique et Technique INRAE, une demi-journée, avril 2020, **Sophie Brard-Fudulea**
- 9 Intégrité scientifique dans les métiers de la recherche – Session 2 , MOOC , 15h, aout 2020, **D'Ambrosio J.**

2 - Formations d'agents du SYSAAF dans le cadre de participations à des congrès et journées techniques en 2020

- 10 Séminaire du méta-programme SelGen r2d2, INRAE, webinaire, 26-27 novembre 2020. **Sophie Brard-Fudulea**
- 11 Journées Techniques Interfilières du SYSAAF. Webinaire, 8-9 décembre 2020, équipes techniques SYSAAF.

3 -Formations organisées en interne suivies par les agents du SYSAAF en 2019

- 12 Formation Shiny, SYSAAF, Nouzilly, 1j mars 2020, **Schrieke H.**

Annexe 7 : Formations et enseignements organisés et/ou assurés par les agents du SYSAAF en 2020

- 1 Formation au logiciel INFAQUA « Novices ». SYSAAF, visioconférence, 16 au 18 novembre 2020. **Patrice, P.**
- 2 Enseignement lors de l'UE Cerveau, Cognition, Comportement, Master 1 Comportement Animal et Humain, Rennes, 8h. **Charrier, M.**
- 3 Enseignement lors de l'UE Ethologie et Physiologie animale, Licence 1 Biologie, Rennes, 16h. **Charrier, M.**
- 4 Formation Shiny, SYSAAF, Nouzilly, 1j mars 2020, Schrieke H.
- 5 Amélioration génétique des espèces avicoles et aquacoles : Point de vue des "Professionnels" Bordeaux SciencesAgro, 3^{ème} Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. S9 Filières Animales Durables. Module "Amélioration génétique des populations animales d'élevage", Visioconférence, 16 Décembre 2020. **Guémené Daniel.**
- 6 Bien-être et systèmes d'élevage au sein des filières avicoles : Le vent du changement confronté aux enseignements de l'expérimentation. Bordeaux SciencesAgro, 3^{ème} Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. S9 Filières Animales Durables. Module "Bien-être animal". Visioconférences, 3 & 9 Novembre 2020. **Guémené Daniel.**
- 7 Les biotechnologies de la reproduction ? Retour d'expérience professionnel. 2020. Master Biologie de la reproduction. UE 9.9EP Biotechnologie de la reproduction animale. **Reverchon M.**
- 8 Les biotechnologies de la reproduction ? Retour d'expérience professionnel. 2020. Master Production Animal. UE8.4 Sélection animale et optimisation de la reproduction. **Reverchon M.**
- 9 Formation analyse qualité de la semence aviaire et insémination. ISA (Hendrix Genetics) 2020. **Reverchon M.**

Annexe 8 - Thèses en cours de réalisation par des doctorants salariés du SYSAAF en 2020

- **Jonathan d'Ambrosio** (2017-2020). **Titre** : Sélection génomique chez la truite arc-en-ciel. Encadrement par Florence Phocas et Mathilde Dupont-Nivet (INRAE). **Thèse soutenue le 17 décembre 2020.** [Contrat CIFRE]
- **Ronan Griot** (2018-2021) Développement d'outils et méthodes de sélection génomique pour le bar et la daurade. Encadrement par Marc Vandeputte (INRAE), François Allal (Ifremer) et Sophie Brard-Fudulea (SYSAAF). **En cours.** [Contrat CIFRE]
- **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 (INRAE). [Contrat CIFRE]
- **Antoine Jourdan** (2019-2022) Développement de la sélection génomique chez l'huitre creuse (*Crassostrea gigas*) Encadrement par Jean-Baptiste Lamy et Pierre Boudry (Ifremer). [Contrat CIFRE]

Résumés de thèses :

Thèse de Jonathan D'Ambrosio (2017-2020 ; Financement CIFRE [ANRT])

Titre : Sélection génomique chez la truite-à-ciel.

La sélection génomique (SG) permet d'estimer des valeurs reproductives des individus à partir de leurs génomes par rapport à une population de référence établie avec la performance et le génotype de milliers d'individus. La sélection génomique permet de choisir des traits impossibles ou coûteux à mesurer sur les candidats à la sélection. La sélection génomique a été mise en place avec succès sur le bétail et d'autres animaux terrestres au cours de la dernière décennie. L'accès récent à la séquence du génome, aux cartes génétiques et à une puce de génotypage à haut-débits de 57 000 SNP, peut permettre de modifier l'organisation des programmes de sélection trutticole. Pour implémenter la SG, le projet (SG-Truite) dirigé par le Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français en collaboration avec des sélectionneurs trutticoles et l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRAE). L'objectif de cette thèse est de proposer des outils et des méthodes de SG techniquement et économiquement fiables pour les programmes français en sélection chez la truite arc-en-ciel sur tous les traits déterminants chez le poisson (taux de croissance, rendement du filet, reproduction, résistance aux maladies).

Thèse de Ronan Griot (2018-2021 ; Financement CIFRE [ANRT])

Titre : Développement d'outils et de méthodes de sélection génomique pour le bar et la daurade.

Depuis sa théorisation au début des années 2000, la sélection génomique a prouvé son efficacité chez de nombreuses espèces. En aquaculture, elle est utilisée principalement chez le saumon. Face à l'expansion de l'aquaculture en Europe et dans le monde, le besoin d'avoir des animaux productifs et résilients devient une nécessité pour fournir la demande croissante en produits aquacoles. Parmi ces produits, le bar et la daurade sont des espèces majeures de l'aquaculture méditerranéenne. Ces deux espèces sont sujettes, comme la totalité des espèces d'élevage, à des pathologies causant une mortalité importante dans les élevages. Afin de préserver la santé des poissons, diminuer la consommation d'antibiotiques et augmenter la durabilité de la filière, la sélection génomique s'impose comme la méthode potentiellement la plus performante pour améliorer la résistance aux maladies. En s'appuyant sur le développement d'une puce 57K SNP chez le bar et la daurade, ainsi que sur des phénotypes de résistances aux pathogènes majeurs (nodaviriose et vibriose chez le bar, pasteurellose chez la daurade), l'implémentation de la sélection génomique pour l'amélioration de la résistance aux maladies chez le bar et la daurade sera étudiée au cours des trois années de thèse. Plusieurs objectifs devront être réalisés :

- L'étude de l'architecture génétique des différents caractères (nombre de QTLs, leur position, effet, significativité),
- Le développement de modèles d'évaluation génomique et leur efficacité,

- Le développement d'une stratégie globale de génotypage et de réduction des coûts (nombre d'individus à génotyper et phénotyper, nombre de SNP, taille de la population d'entraînement),
- Le développement d'une méthode d'assignation efficace en contexte aquacole.

Thèse de Marion Charrier (2018-2021 ; Financement CIFRE [ANRT])

Titre : Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement des descendants, sa transmission épigénétiques et ses conséquences adaptatives.

Les populations de gibiers sauvages en France sont pour certaines en déclin et le maintien et la gestion de ces espèces souvent emblématiques deviennent aujourd'hui des enjeux majeurs. Afin de pallier à cette diminution des populations, des lâchers de gibiers d'élevage sont effectués chaque année que ce soit pour répondre à des objectifs cynégétiques ou à des objectifs de conservation. Cependant, en milieu naturel, la survie et les capacités de reproduction de ces animaux restent faibles. Le but de cette thèse est donc de trouver des leviers permettant d'améliorer à long terme la survie de ces oiseaux. Nous nous intéressons pour cela aux influences maternelles prénatales, dont les effets sur le développement comportemental des jeunes ont largement été démontrés, notamment grâce aux études réalisées en éthologie. Dans une première partie, partie préliminaire, nous nous intéresserons à la caille japonaise et aux influences de différentes conditions de vie maternelle (stressantes, complexes-variables) sur le développement de plusieurs générations de descendants (effets maternels à long terme). Nous caractériserons alors l'impact de ces traitements prénatals sur le développement comportemental des jeunes (comportements ayant un rôle adaptatif : réactivité émotionnelle et capacités d'apprentissage). Nous chercherons également à identifier ici des corrélats physiologiques (corticostérone plasmatique, composition hormonale des œufs) et neurobiologiques (mécanismes épigénétiques). Dans une seconde partie, nous mettrons en application les études préalablement réalisées chez la caille japonaise, afin d'améliorer les capacités d'adaptation des descendants d'une autre espèce de phasianidés, la perdrix rouge.

Thèse d'Antoine Jourdan (2019-2022 ; Financement CIFRE [ANRT])

Titre : Développement de la sélection génomique chez l'huître creuse (*Crassostrea gigas*)

Les huîtres sont actuellement la 1^{ère} production de mollusques au niveau mondial sont les plus importants devant les palourdes, les coquilles Saint-Jacques et les pétoncles. L'huître du Pacifique (*Crassostrea gigas*) est l'espèce d'huître la plus cultivée et a été introduite dans de nombreux pays pour la production aquacole. Mais comme pour l'ensemble des espèces d'élevage, les producteurs d'huîtres sont confrontés à des pathologies, dont les deux principales sont l'herpès virus (OsHV-1) et la vibriose. La virose touche principalement le naissain alors que la vibriose les adultes, ces pathologies combinées causent de grosses pertes dans les élevages et déterminent quasiment à elles-seules le rendement. Aucune étude n'a encore été menée sur les déterminants génomiques de la vibriose et sur la double résistance (virose et vibriose) mais des études ont été déployées pour mettre en place des programmes de sélection de l'huître du Pacifique, avec la résistance à OsHV-1 comme principal caractère cible. Au-delà des pathogènes, d'autres phénotypes d'intérêt pour la sélection ostréicole sont les critères de qualité du produit. La morphologie, la couleur, la composition biochimique (lipides, protéines, glycogènes) sont des caractères essentiels pour la filière ostréicole, mais sont nécessairement létaux et difficilement mesurables sur un grand nombre d'individus dans le cadre des programmes de sélection qui ont été initiés par différentes éclosiers françaises. Comme pour d'autres espèces aquacoles (saumon, bar, daurade), le développement récent des outils génomiques chez l'huître creuse (puce de génotypage de 57K SNP) ouvre la possibilité d'intégrer des marqueurs génétiques dans les programmes de sélection par le biais de la génomique. Cela permettra d'améliorer la précision de la sélection, le gain génétique et de résoudre en partie les problèmes liés à la mesure des caractères létaux et à la dépendance des conditions d'une année donnée. En effet, il sera possible d'utiliser les liens de parenté génomique entre des candidats génotypés, mais non mesurés sur caractères létaux. L'objectif finalisé de cette thèse est de proposer un ou des schémas de sélection génomique efficaces pour l'amélioration de la qualité et la résistance aux pathogènes chez l'huître creuse, en répondant aux sous-questions suivantes :

- Quelle est l'architecture génétique (QTLs, degré de polygénie) des caractères de résistance aux maladies et de qualité chez l'huître creuse ?



- La sélection génomique, permet-elle (et à quelles conditions – densité de marqueurs, plans de croisement, population de référence, modèles d’analyse) d’améliorer la précision d’estimation des valeurs génétiques pour ces caractères ?
- Peut-on mettre au point des panels de SNP basse densité permettant de combiner à faible coût l’assignation de parenté et l’évaluation génomique intra-familiale ?

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. Il 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 8000 individus ont été testés en 2020, représentant 160 heures de travail cumulé (Figure 68). Des analyses sont programmées tout au long de l'année (Figure 69). Pour rappel, le service avait dû être suspendu en 2019 pour cause de changement d'appareil (Figure 70). Il y a eu une nouvelle suspension du service d'analyse de ploïdie en 2020, cette fois-ci liée à la crise sanitaire, uniquement lors du 1^{er} confinement (17/03 au 11/05/2020). Trois entreprises salmonicoles, ainsi qu'une entreprise percicole ont sollicité ce service de contrôle de ploïdie.

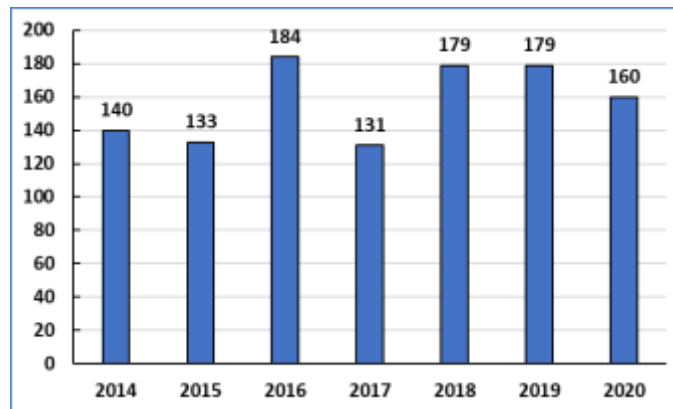


Figure 68 : Nombre d'heures d'analyses

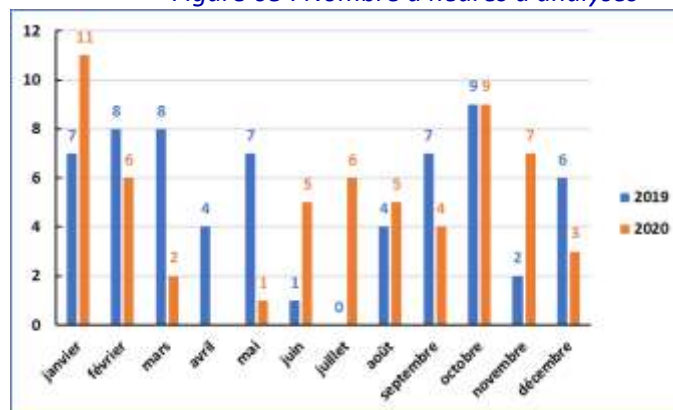


Figure 69 : Nombre de sessions de cytométrie mensuel

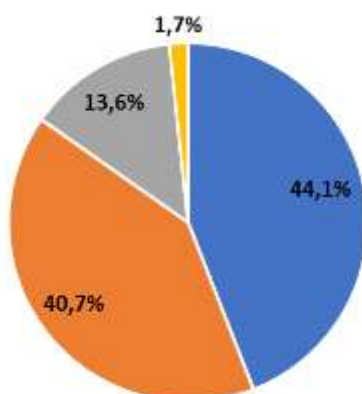


Figure 70 : Volume d'analyses par adhérent



Figure 71 : Le cytomètre Cyflow Cube 6 (Sysmex)

Annexe 10 : FORTIOR Genetics, une plate-forme pour améliorer la résistance des poissons d'élevage aux maladies par sélection génétique.

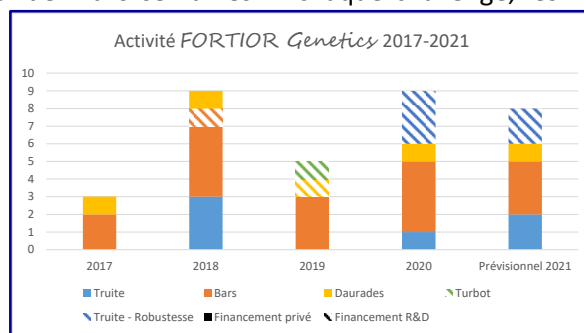
Créée en partenariat avec l'ANSES, unité PVP de Plouzané (29), la plate-forme est un des premiers outils européens dédié au phénotypage de poissons d'élevages pour leur résistance aux maladies dans un objectif de contribuer à l'amélioration de la santé des poissons d'élevage. Elle mutualise les compétences des agents de l'ANSES et de ceux du SYSAAF afin de proposer des épreuves infectieuses contrôlées sur apparentés pour plusieurs importantes maladies en partenariat avec différentes entreprises de sélection. Cette activité s'inscrit dans une démarche durable contribuant à la réduction des intrants en aquaculture, à limiter la résistance des poissons aux antibiotiques, à améliorer la qualité sanitaire des produits aquacoles et le bien-être des animaux élevés.



L'activité de la plate-forme est encadrée par une convention de collaboration entre ANSES SYSAAF mettant à disposition du personnel SYSAAF et les installations agréées de l'unité PVP de l'ANSES. Des accords de consortium ont par ailleurs été signés entre le SYSAAF et ses adhérents utilisateurs pour garantir son bon fonctionnement. Ces installations peuvent accueillir un grand nombre de juvéniles et permettent de moduler différents paramètres d'élevage (type d'eau, température, débit, taille des poissons...). La mise en place de la plate-forme s'est accompagnée d'une demande de financement afin d'aménager une salle expérimentale dédiée aux activités de la plateforme et de mettre à niveau les installations existantes. Ce projet sera financé par la région Bretagne et l'ANSES via le FEAMP.

Actuellement 6 couples hôtes pathogènes peuvent être challengés. De 1200 à 2000 individus sont testés lors d'un challenge sur une durée pouvant aller de 2 à 6 semaines. A chaque challenge, les

données sont enregistrées sur Infaqua, l'ADN des individus est collecté pour permettre les assignations de parenté et l'estimation des paramètres génétiques du caractère « résistance à la maladie ». Les challenges réalisés à FORTIOR sont financés sur fonds privés ou par de programmes R&D, La plate-forme FORTIOR Genetics ayant une fonction de support aux programmes R&D menés ou auxquels participe le SYSAAF, permettant le phénotypage à grande échelle des caractères de résistance aux maladies.



Truites	Bars	Daurades	Turbots
<ul style="list-style-type: none"> vNPI vSHV Robustesse 	<ul style="list-style-type: none"> VNN (VER) Vibrio Harveyi 	<ul style="list-style-type: none"> Photobacterium subsp. piscicida 	<ul style="list-style-type: none"> Edwardsiella tarda

Plusieurs programmes encore en cours ont en effet eu recours aux services de la plate-forme pour l'acquisition de données de phénotypage tels que les programmes SG-truite en 2016, GeneSea en 2017, Performfish et Aqualmpact en 2018. En 2019, les programmes GeneSea et Turboost (déjà mentionnés précédemment) ont eu recours aux services de la plate-forme. Celle-ci sera de nouveau sollicitée en 2020 par le programme HypoTemp pour étudier de nouveaux caractères de robustesse et d'adaptation au changement climatique.

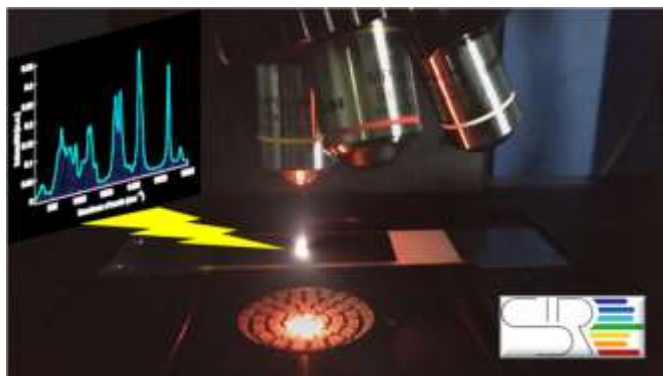


Annexe 11 : SpecGen : la plateforme de spectrométrie SYSAAF CNRS et Université de Rennes-1 .

La plateforme SPECTrométrie & GENétique (SpecGen) est la concrétisation d'un partenariat entre le SYSAAF, l'Université de Rennes 1 et le CNRS afin d'accéder à une plateforme de spectrométrie (NIR/MIR, Raman).

Le parc instrumental de cette plateforme se situe dans les locaux de la plateforme SIR de l'UMS ScanMAT (<https://scanmat.univ-rennes1.fr/la-plate-forme-sir>).

Créée officiellement en mars 2020, la plateforme SpecGen a pour objectif d'évaluer la faisabilité de prédire certaines caractéristiques biochimiques et/ou qualitatives dans un objectif de sélection.



Un ingénieur spectroscopiste (Christophe Eklouh-Molinier) a été recruté par le SYSAAF. Sa mission est de développer l'usage de ces technologies pour les entreprises, en interaction avec les chercheurs des organismes de la recherche (CNRS, INRAE, Ifremer), et aussi d'accompagner l'utilisation : formation du personnel, mise à jour des données de calibration, développement de prototypes.

La plateforme est impliquée dans de nombreux programmes de R&D, notamment :

OmégaTruite (FEAMP),

AqualImpact (H2020),

QualityHuitre (FEAMP)

et Géronimo (H2020).

De plus, des prestations de services sont proposées aux adhérents, telles que la possibilité de réaliser des pré-tests (gratuits) et de donner des conseils technologiques et des formations techniques.

Annexe 12 : Liste et nature des implications d'agents ou adhérents du SYSAAF présents dans les instances décisionnelles de structures partenaires en 2020

- **AGENAVI** : Conseil d'Administration - **D. Guémené**,
- **Anses** : Comité d'Orientation Thématique (COT) - **D. Guémené**,
- **CIP** : Conseil d'Administration - **D. Guémené**,
- **CIFOG** : Comité interprofessionnel des palmipèdes à foie gras - **D. Guémené**,
- **CTI** : Commission Thématique Interfilière Ressources Zoogénétiques
- **CSNPFG** : Membre - **D. Guémené**,
- **EFFAB & Fabre TP** : Représentants - **D. Guémené & P. Haffray**,
- **FRB** : Comité d'Orientation Stratégique (COS) - **D. Guémené**,
- **GIS Cryobanque Nationale** : Conseil de Groupement - **M. Reverchon**
- **GIS Avenir-Elevage** : Comité Stratégique - **D. Guémené** (Suppléante : S. Brard Fudulea) & Directoire opérationnel - **S. Brard Fudulea** (Suppléant : **D. Guémené**)
- **GIS Pisciculture-Demain** : Comité Stratégique - **D. Guémené** & Comité Scientifique - **P. Haffray**,
- **ITAVI** : Conseil Scientifique - **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**,
- **EPGS** (XIth European Poultry Symposium in Genetic), **Congrès, Oct 2019, Prague**. Organisation : **Groupe 3** de la Branche Européenne de la **WPSA** (Poultry Genetic) : Comité Scientifique - **D. Guémené**, reporté en 2022.
- **XIth European Poultry Welfare and Management Meeting, Congrès, 2021, Prague**. Organisation : **Groupe 9** (Poultry Welfare & Management) de la Branche Européenne de la **WPSA** : Comité Scientifique - **D. Guémené**, reporté en 2022

Annexe 13 : Liste actualisée des espèces faisant l'objet d'une délégation par l'ITAVI au profit du SYSAAF pour les actions d'amélioration et de gestion des ressources zoogénétiques, après validation de la demande d'extension lors de la réunion de la CNAG8 du 23 Octobre 2018.

En jaune : Les espèces des filières entrant dans le champ du programme CAS-DAR 775.

Filières	Espèce : Dénomination usuelle	Espèce : Nom scientifique	Délégation
Avicoles	Poule	<i>Gallus gallus domesticus</i>	CNAG du 4 octobre 2007 Délégation initiale Mise en application de l'Article 4 de l'Arrêté du 31 juillet 2007
	Pintade de Numidie	<i>Numida meleagris</i>	
	Dinde	<i>Meleagris gallopavo</i>	
	Caille du Japon	<i>Coturnix japonica</i>	
	Canard commun	<i>Anas platyrhynchos</i>	
	Canard de barbarie	<i>Cairina moschata</i>	
	Oie domestique	<i>Anser anser domesticus</i>	
	Faisan commun	<i>Phasianus sp.</i>	
	Perdrix rouge	<i>Alectoris rufa</i>	
	Perdrix grise	<i>Perdix perdix</i>	
	Pigeon biset	<i>Columba livia</i>	
Conchylicoles	Huître creuse	<i>Crassostrea gigas</i>	CNAG du 4 octobre 2007 Extension Délégation
	Huître plate	<i>Ostrea edulis</i>	CNAG du 17 Nov. 2010 Extension Délégation
	Palourde japonaise	<i>Ruditapes philippinarum</i>	CNAG du 3 Mai 2016 Extension Délégation
	Ormeau européen	<i>Haliotis tuberculata</i>	CNAG du 19 Mai 2017 Extension Délégation
	Huître portugaise	<i>Crassostrea angulata</i>	
	Pintadine, pintadine méléagrine, huître perlière à lèvres noires, nacre à perles noires, huître perlière du Pacifique, nacre ou nacre à coquille noire	<i>Pinctada margaritifera</i>	
	Coquille Saint Jacques	<i>Pecten maximus</i>	
	Coque commune ou Coque blanche	<i>Cerastoderma edule</i>	
	Palourde bleue ou clou	<i>Venerupis corrugata</i>	
	Palourde européenne ou Palourde commune	<i>Venerupis decussata</i>	

⁸ En application de l'article 4 de l'arrêté du 31 juillet 2007, cette liste des espèces concernées peut être complétée au cours de la période concernée par cette délégation, après sollicitation et examen, par le comité consultatif pour l'espèce porcine, les lapins, les volailles et les espèces élevées dans des exploitations aquacoles de la commission nationale d'amélioration génétique (CNAG), de la pertinence de la demande et formulation d'un avis favorable par cette instance.

Crevetticoles	Crevette bleue	<i>Litopenaeus stylirostris</i>	CNAG du 3 Mai 2016 Exte Délégation
	Crevette à pattes blanc	<i>Litopenaeus vannamei</i>	
	Chevrette d'eau douce crevette géante d'eau dou	<i>Macrobrachium rosenbe</i>	CNAG du 19 Mai 2017 Exte Délégation
	Crevette japonaise	<i>Penaeus japonicus</i>	
	Crevette tigrée	<i>Penaeus monodon</i>	CNAG du 23 Oct. 2018 Exte Délégation

Piscicoles dulçaquicoles	Truite arc-en-ciel	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	CNAG du 4 octobre 200 Délégation initiale Mise en application de l'Article 4 de l'A du 31 juillet 2007
	Truite commune (ou fa	<i>Salmo trutta</i>	
	Ombre de fontaine	<i>Salvenilus fontinalis</i>	
	Esturgeon sibérien	<i>Acipenser baeri</i>	
	Perche commune	<i>Perca fluviatilis</i>	CNAG du 17 Nov. 2010 Exte Délégation
	Carpe commune	<i>Cyprinus carpio</i>	CNAG du 19 Mai 2017 Exte Délégation
	Tilapia du Nil tilapia gris)	<i>Oreochromis niloticus</i>	
	Tilapia du Mozambique	<i>Oreochromis mossambic</i>	
	Tilapia Wami	<i>Oreochromis urolepsis</i>	
	Tilapia bleu	<i>Oreochromis aureus</i>	
	Tilapia rouge (ou tilapia gueule rouge)	Hybride fertile de 4 espè (<i>O. niloticus</i> , <i>O. mossambicu</i> <i>O. hornorum</i> & <i>O. aureus</i>)	
	Ombre alpin	<i>Salvelinus alpinus</i>	
	Esturgeon bélouga	<i>Huso huso</i>	
	Esturgeon osciètr	<i>Acipenser guldenstatii</i>	
Esturgeon ruthenus	<i>Acipenser ruthenus</i>		
Piscicole Euryhal	Saumon Atlantique	<i>Salmo salar</i>	CNAG du 7 avril 2010 Exte Délégation

Piscicoles marine	Bar	<i>Dicentrarchus labrax</i>	CNAG du 4 octobre 200 Extension Délégation
	Daurade	<i>Sparus aurata</i>	
	Turbot	<i>Scophthalmus maximus</i>	
	Maigre	<i>Argyrosomus regius</i>	
	Ombrine ocellée	<i>Sciaenops ocellatus</i>	CNAG du 7 avril 2010 Exte Délégation
	Sérieole couronnée	<i>Seriola dumerili</i>	CNAG du 19 Mai 2017 Exte Délégation

Insecte	Mouche soldat noire	<i>Hermetia illucens</i>	CNAG du 23 Oct. 2018 Exte Délégation
---------	---------------------	--------------------------	---

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
ANVOL : Interprofession de la Volaille de Chair
APA : Accès aux Ressources Génétiques et Partage des Avantages
BAZDA : Bureau des Aides aux Zones Défavorisées et à l'Agro-Environnement
BioDom-Centre : Centre Régional de Ressources Génétiques de la Région Centre Val de Loire
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
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
CPC : Conditions de Productions Communes
COS : Comité d'Orientations Stratégiques
COT : Comité d'Orientations Thématiques
CS : Conseil Scientifique
CRAN : Conservatoire des Races Animales Normandes,
CRAPAL : Conservatoire des Races Animales en Pays de Loire
CREAVIA : Union des Coopératives URCEO et GENOE
CREGENE : Conservatoire des Ressources Génétiques Centre Ouest Atlantique
CRLA : Conservatoire des Races Locales d'Aquitaine
CRRB : : Conservatoire des Races Bretonnes,
CRRG : Centre Régional de Ressources Génétiques Haut de France [Espaces naturels régionaux: ENRx]
CTI : Commission Thématique Interfilières ... ex. "*Ressources Zoogénétiques*"
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
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
DRM : Direction des Ressources Marines
DSN : Déclaration Sociale Nominative
EFFAB : European Forum for Farm Animal Breeding

EFSA : European Food Safety Authority
ENSAR : Ecole Nationale Supérieure d'Agronomie de Rennes
ESITPA : Ecole Supérieure d'Ingénieur des Techniques et Pratiques Agricoles
FEAMP : Fonds européen pour les affaires maritimes et la pêche
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'Elevage
IFIP : Institut du Porc
IMPCF : Institut Méditerranéen du Patrimoine Cynégétique et Faunistique
INRAE : Institut National de la Recherche Agronomique
INRAE : Institut National de la Recherche Agronomique et Environnementale (Organisme issu de la fusion de l'INRAE et de l'IRSTEA au 1^{er} Janvier 2020)
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'Ecologie, du Développement Durable et de l'Energie
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
PALSO : Association pour la promotion et la défense des palmipèdes à foie gras du Sud-Ouest
PAC : Politique Agricole Commune
PEAT : Pôle Expérimental Avicole de Tours (Unité Expérimentale INRAE)
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 INRAE)
PRM : Programme pour les Races Menacées
PRM-A : Programme pour les Races Menacées des espèces Avicoles
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-BOA : Unité Mixte de Recherche Biologie des Oiseaux et Aviculture



UMR-PRC : Unité Mixte de Recherche Physiologie de la Reproduction et des Comportements
WPC : World Poultry Conference
WPSA : World Poultry Science Association



Siège social & Adresse postale
SYSAAF - Centre INRAE - Val de Loire,
Unité Mixte de Recherche en Biologie des Oiseaux et Aviculture (UMR-BOA),
37380 Nouzilly, France.
Tél. : 00.33.2.47.42.76.43 [Dir. : 79.43]
Courriel : sysaaf@INRAE.fr
Site internet : www.sysaaf.fr

Directeur de la publication et rédacteur en chef : *M. Sourdioux*
Co-rédacteurs : *F. Renard-Dewynter, S. Brard-Fudulea & P. Haffray*



Avec les contributions de :

*R. Akakpo, J. d'Ambrosio, A. Bestin, M. Besson, M-A Bergeot, M. Charrier, M-C Constantin, B. Desnoues,
A. Donkpegan, R. Duclos, C. Eklouh-Molinier, F. Enez, Y. François, D. Guémené, R. Griot, A. Jourdan, R.
Morvezen, H. Schrieke, P. Patrice, M. Reverchon, R. Richer, R. Rouger & S. Thiercelin.*