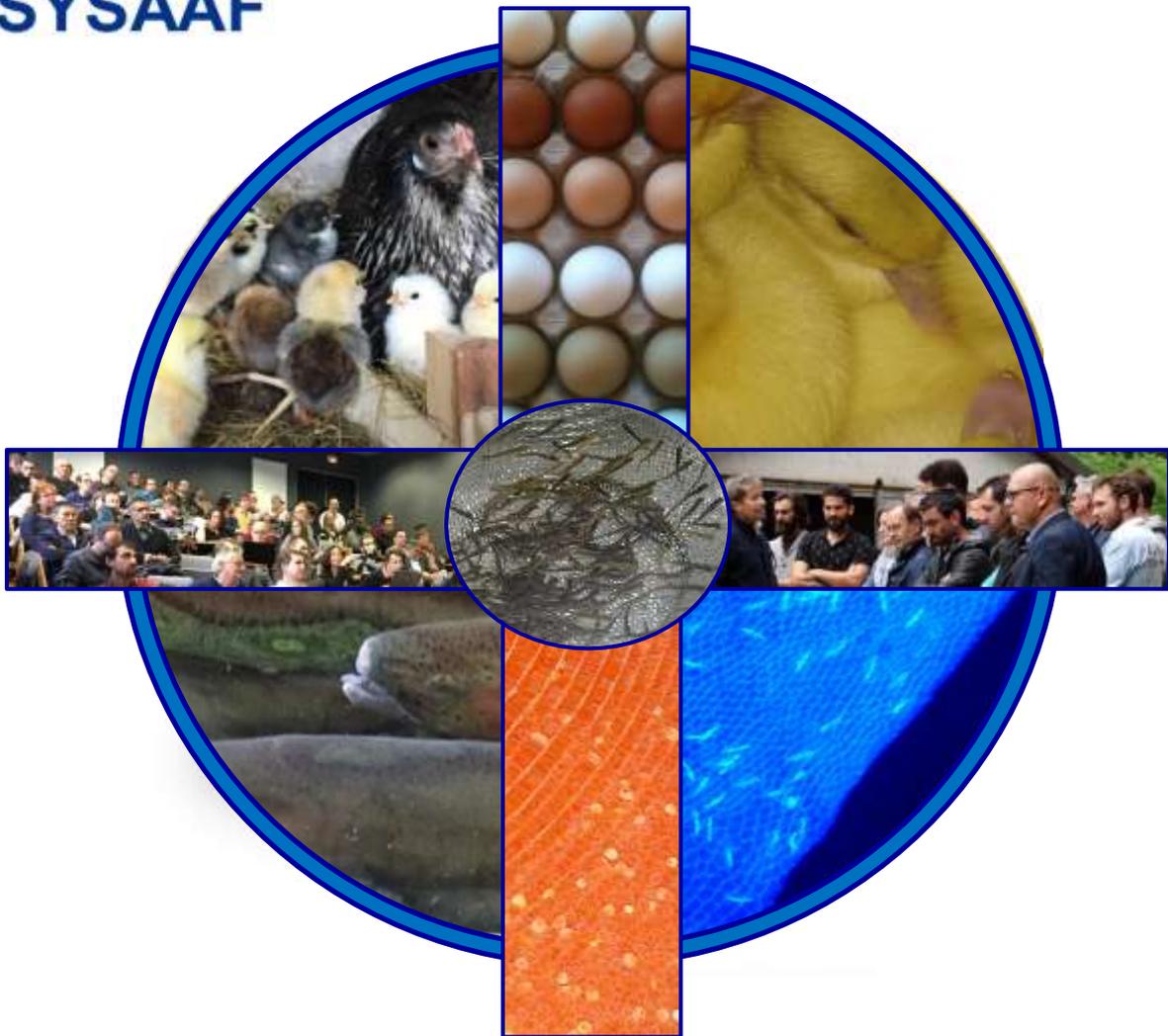




Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français

Rapport d'Activité 2019





Sommaire

Introduction	5
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	19
2-3-1 Des effectifs croissants et des compétences renouvelées :.....	19
2-3-2 Une organisation fonctionnelle en évolution avec une répartition sur plusieurs sites ...	21
2-3-3 Une démarche managériale :.....	22
3-3-1 Une démarche qualité.....	24
3-3-2 Une formation professionnelle pour les salariés du SYSAAF	26
3-3-3 Une gestion des risques professionnels.....	26
2-4 Ressources financières	27
2-4-1 Budget annuel 2019	27
2-4-2 Tarifs des prestations aux adhérents en 2019	29
2-5 Adhérents	31
2-6 Espèces	37
III - Missions et Activités de R&D du SYSAAF	39
3-1 Appui technique à la sécurisation de la diversité génétique et à la sélection génétique	42
3-1-1 Sélection génétique.....	42
3-1-2 Appui à la Sauvegarde des races locales de volailles	44
3-1-3 Cryopréservation de ressources biologiques avicoles et aquacoles.....	44
3-2 Recherche de nouvelles méthodes de phénotypage bas et haut-débit et/ou optimisation pour quantifier des caractères d'intérêt.....	46
3-2-1 Objectifs du projet.....	46
3-2-2 Etat de l’art, aléas, incertitudes scientifiques, verrous technologiques, démarche expérimentale, travaux de recherche réalisés.....	47
3-2-3 Phénotypage de la composition et la concentration en acides gras polyinsaturés chez la truite par spectrométrie Raman	54
3-2-4 Développement d’une technique de phénotypage de l’efficacité alimentaire chez les poissons.....	56
3-2-5 Phénotypage de caractères de résistance aux pathologies chez les espèces aquacoles....	57
3-2-6 Phénotypage de caractères comportementaux et de l’efficacité alimentaire chez les volailles.....	61
3-2-7 Phénotypage de caractères de reproduction et de qualité des poussins chez les volailles	62
3-2-8 Impact de mécanismes épigénétiques sur les phénotypes comportementaux chez les oiseaux	64
3-2-9 Phénotypage de caractères de reproduction chez la mouche soldat noire.	65
3-3 Développement de ressources génomiques et création et/ou optimisation d’outils de génotypage	66
3-3-1 Objectifs du projet.....	66
3-3-2 Etat de l’art.....	67
3-3-3 Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques.....	68
3-3-4 Travaux de recherche réalisés, démarches expérimentales	69
3-4 Utilisation d’outils de génotypage haut débit spécifiques pour la sélectionner de populations avicoles et aquacoles	74
3-4-1 Objectifs du projet.....	74
3-4-2 Etat de l’art.....	74
3-4-3 Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques.....	76
3-4-4 Travaux de recherche réalisés, démarche expérimentale	77
3-5 Recherche pour l’optimisation des outils informatiques et des méthodes statistiques	87
3-5-1 Objectifs du projet.....	87
3-5-2 Etat de l’art, Aléas, Incertitudes scientifiques & Verrous technologiques.....	87
3-5-3 Travaux de recherche, Démarche expérimentale & Résultats acquis	87
IV - Autres missions et services du SYSAAF	93

4-1 Référentiel et Audits	93
4-2 Prestations et/ou Services adhérents et externes	94
4-3 Service analyse de ploïdie chez les espèces aquacoles	94
4-4 Service d'appui à la réalisation de génotypage et séquençage	94
4-5 Service de formation professionnelle et enseignements dispensés	95
4-6 Communication	95
4-7 Service administratif et financier.	95
V - Partenariats du SYSAAF.....	97
5-1 Les partenariats institutionnels	97
5-2 Les partenariats avec les organismes de Recherche et de Développement	97
5-3 Les partenariats avec les partenaires du secteur privé	99
VI - DE 2019 A 2020... QUELLES PERSPECTIVES POUR LE SYSAAF ? PAR D. GUEMENE.....	101
Annexe 1 : Coordonnées des adhérents aquacoles du SYSAAF au 1 ^{er} janvier 2020	104
1 - Coordonnées des adhérents piscicoles du SYSAAF	104
2 - Coordonnées des adhérents repeuplement et restauration écologique aquacoles du SYSAAF	106
3 - Coordonnées des adhérents conchylicoles du SYSAAF	106
4 - Coordonnées des adhérents crevetticoles du SYSAAF	107
5 - Coordonnées de membres associés du SYSAAF	108
Annexe 2 : Coordonnées des adhérents avicoles du SYSAAF au 1 ^{er} janvier 2020.....	109
Annexe 3 : Coordonnées des adhérents entomocoles du SYSAAF au 1 ^{er} janvier 2020	113
Annexe 4 : Liste des programmes expérimentaux de Recherche et Développement impliquant le SYSAAF en 2019.....	114
Annexe 4 : Liste des publications-communications des agents du SYSAAF en 2019	159
1 - Articles primaires publiés dans périodiques à comité de lecture ou ouvrages	159
2 - Synthèses publiés dans périodiques à comité de lecture	159
3 - Articles publiés dans périodiques sans comité de lecture	159
4 - Communications courtes dans congrès et symposiums internationaux	159
5 - Communications courtes dans des congrès scientifiques et symposiums nationaux	160
6 - Communications dans des réunions techniques ou scientifiques à public restreint	162
8 - Documents diplômants (Agents et Stagiaires encadrés)	164
9 - Documents internes et Rapports	164
10 - Autres	165
Annexe 5 : Formations suivies par les agents du SYSAAF en 2019	166
Annexe 6 : Formations et enseignements organisés et/ou assurés par les agents du SYSAAF en 2019	167
Annexe 7 - Thèses en cours de réalisation par des doctorants salariés du SYSAAF en 2019.....	168
Thèse de Jonathan D'Ambrosio (2017-2020 ; Financement CIFRE [ANRT])	169
Thèse de Ronan Griot (2018-2021 ; Financement CIFRE [ANRT])	169
Thèse de Marion Charrier (2018-2021 ; Financement CIFRE [ANRT])	169
Thèse d'Antoine Jourdan (2019-2022 ; Financement CIFRE [ANRT])	170
Annexe 8 : Analyse de ploïdie par cytométrie de flux.....	171
Annexe 9 : FORTIOR Genetics, une plate-forme pour améliorer la résistance des poissons d'élevage aux maladies par sélection génétique.	172
Annexe 10 : Liste des Activités de Gestion Administratives et Financières	173
Annexe 11 : Liste et nature des implications d'agents ou adhérents du SYSAAF présents dans les instances décisionnelles de structures partenaires en 2019	174
Annexe 13 : Ordre du Jour de l'Assemblée Générale Ordinaire du SYSAAF 2019	175
Annexe 14 : Glossaire	176

Introduction

Le SYSAAF (Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français) est une association de statut "Syndicat professionnel" (Loi du 21 Mars 1884) qui regroupe des entreprises et associations, développant des programmes d'amélioration génétique à des fins commerciales et/ou de gestion génétique de populations, lignées ou races d'espèces avicoles et aquacoles. A l'instar des instituts techniques IDELE et IFIP pour les espèces de mammifères domestiques, le SYSAAF est aujourd'hui en charge d'une action élémentaire du "Programme pluriannuel du Progrès Génétique Animal CASDAR-775 qui s'inscrit dans le Programme Génétique Animale, du Programme National de Développement Agricole et Rural [PNDAR : 2014-2020]" ; 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 - GIS Cryobanque Nationale & CryoAqua). Pour exercer cette mission, le SYSAAF bénéficie d'une délégation de mission de la part de l'ITAVI (Institut Technique de l'Aviculture), dont l'autorisation a été renouvelé en 2017 par le Ministère en Charge de l'Agriculture pour une période de 5 ans (2018-2022), après avis favorable de la Commission d'Amélioration Génétique Animale (CNAG).

Au quotidien, le SYSAAF, par une approche collective, originale et unique au monde, en mutualisant des compétences, des méthodes et des outils, a apporté un appui technique à 35 adhérents en 2019, majoritairement des PME et TPE, qui mettent en œuvre des programmes de gestion et/ou d'amélioration génétique rigoureux et optimisés à des fins commerciales et/ou de gestion génétique s'appliquant à plus d'une 100^{aine} de populations, lignées ou races pures, d'une 30^{aine} d'espèces différentes, des filières avicoles (10), aquacoles (19) 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, matière 1^{ère} pour l'alimentation animale). Ces productions génèrent directement ou indirectement une activité économique conséquente représentant souvent l'intégralité du marché français et des volumes conséquents à l'export, soit globalement plus de 20% du chiffre d'affaire des filières animales en France. Les filières avicoles et aquacoles représentent par ailleurs plus de 90% du solde excédentaire de la balance commerciale de la génétique française, soit environ 140 millions d'euros. Ces productions occupent également une place importante pour le maintien d'activités agricoles de type polyculture-élevage et aquacoles au sein des territoires ruraux et littoraux, puisque, outre l'ensemble des activités conchylicoles, de même qu'une majorité des installations piscicoles, environ 1/3 des exploitations avicoles françaises recensées se trouvent en dans des zones à handicap naturel.

Par ailleurs, le SYSAAF, dans un rôle d'interface entre la recherche et les acteurs du terrain, initie et contribue au montage et à la réalisation de programmes de recherche et développement en lien direct ou indirect avec les domaines de la reproduction et de la génétique, contribuant à la mise en œuvre de technologies et méthodes innovantes et diversifiées dans les secteurs d'activité concernés.

Les activités du SYSAAF répondent 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, autant que possible pédigrée, 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 et avicoles en :

- réalisant des travaux de recherche et développement finalisés, en partenariat, avec les chercheurs 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 génétique (CryoAqua, Cryobanque nationale avicole), 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 les intérêts du SYSAAF, de ses adhérents et plus globalement des acteurs des filières aquacoles et avicoles, auprès de nos interlocuteurs institutionnels et professionnels.

Ce rapport qui présente les activités liées aux différentes missions du SYSAAF et les faits marquants de l'année 2019, s'adresse en premier lieu aux adhérents du SYSAAF, mais constitue également un justificatif pour les engagements pris dans le cadre de la convention relative à la réalisation du projet correspondant à l'action élémentaire 3 "Gestion optimisée du Patrimoine Zoogénétique d'Espèces Avicoles et Aquacoles" du Programme CAS-DAR 775 ["Programme pluriannuel du Progrès Génétique Animal CASDAR 2014-2020"], établi entre FranceAgriMer et le SYSAAF.

Les nombreux programmes de recherche et développement en cours de réalisation bénéficient généralement d'autres sources de financements publics dans le cadre d'appels à projets aussi, dans ce cas, ceux-ci n'entrent pas dans le champ de l'enveloppe du Programme CAS-DAR 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, quel qu'en soit 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 le chapitre 3. Les programmes en cours font également l'objet de fiches de synthèses qui sont présentées en annexe (Annexe 3).

Ce rapport inclut également plusieurs autres annexes (Annexes 1 à 14) qui le complètent utilement, comme une liste actualisée des adhérents du SYSAAF (Annexes 1 & 2) et une liste des publications-communications réalisées en 2019 (Annexe 3). Plus complet que la synthèse du rapport d'activité qui est présentée oralement lors de l'Assemblée Générale Annuelle, il en constitue de fait le document de référence pour les aspects techniques du procès-verbal et apporte un éclairage sur les perspectives d'évolutions à venir, tant organisationnelles que fonctionnelles.

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

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

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 accoueurs agréés 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 agréés, dont 14 au titre de sélectionneur-multiplicateur mettant en œuvre des programmes de sélection généalogique et 4 en sélection massale, les autres étant agréés comme multiplicateurs et/ou accoueurs. 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 Accoueurs), 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'INRA et du Ministère en charge de l'Agriculture. Initialement limités à la filière truiticole, le secteur aquacole regroupe aujourd'hui des entreprises de sélection d'autres espèces piscicoles d'eau douce et marines, mais également conchylicoles et crevettecoles, ainsi que des acteurs de la restauration écologique et du repeuplement. Depuis 2019, le SYSAAF compte également parmi ses adhérents, un représentant du secteur entomocole, prémisses du moins nous l'escomptons d'une nouvelle page de la longue histoire du SYSAAF.

Aujourd'hui, le SYSAAF apporte un appui technique auprès d'une 40^{aine} de structures, dont 35 adhérents en 2019, mettant en œuvre des programmes de sélection et gestion génétique des filières avicoles et aquacoles. Cette activité s'inscrit dans le contexte de la loi sur les animaux d'élevage de 2006 et est exercée 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". 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).

En 2020, la Commission Thématique Interfilières "Ressources Zoogénétiques" qui sera créée par Arrêté (A paraître) et placée sous la responsabilité de FranceAgriMer reprendra 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(s) par Décret du 18 décembre 2019 (no 2019-1379). L'objectif est d'accroître le dialogue et les interactions entre les acteurs amont et aval des filières et à ce titre l'institut 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. Il est toutefois à déplorer que n'y sont pas actuellement représentés les interprofessions CNPO (Filières pondeuses), CIFOG (Palmipède gras) et InterproChasse (Gibiers avicoles (Faisans (2 espèces), perdrix grises et rouges), ainsi que d'autres filières concernant les espèces caille, pigeon, crevettes (4 espèces) ou encore les insectes, 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.

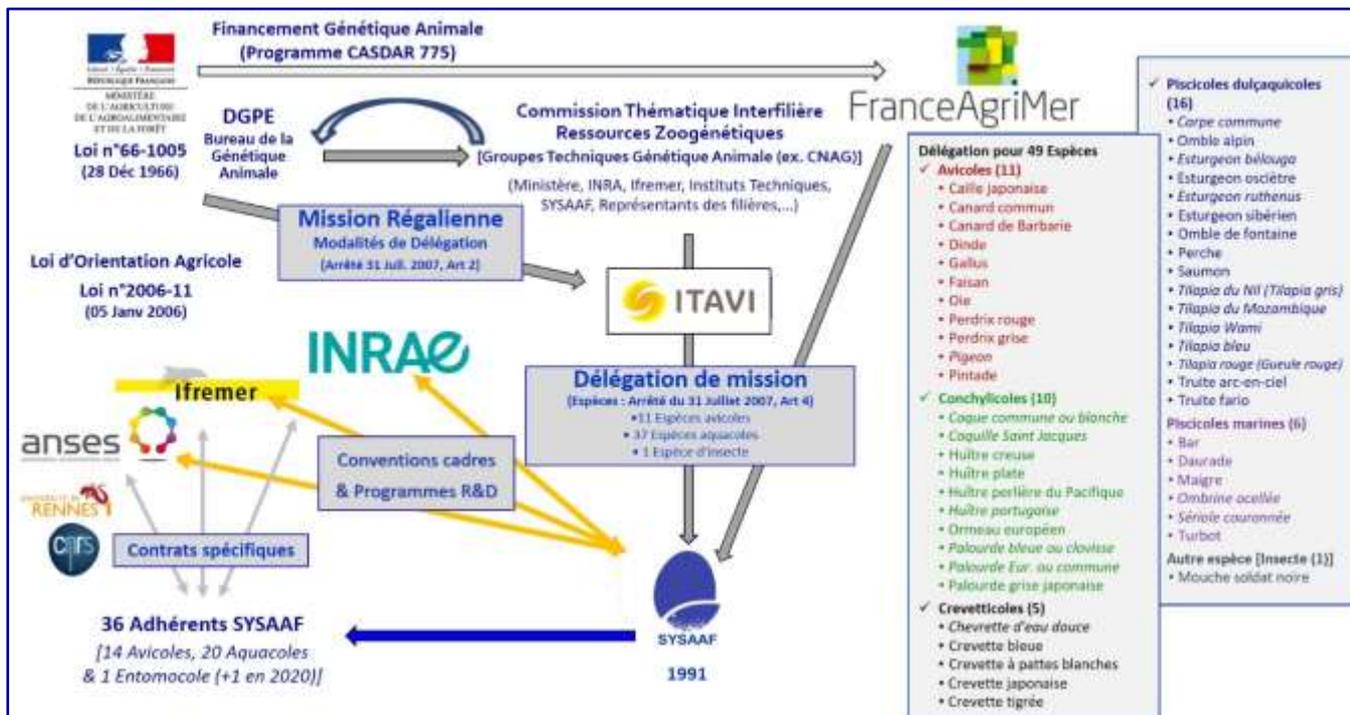


Figure 1 : Organisation du dispositif français d'amélioration génétique des espèces avicoles et aquacoles à compter du 1er Janvier 2020 (Substitution des CNAG par une Commission Thématique Interfilière Ressources Zoogénétiques et des Groupes Techniques Génétique Animale)

La délégation 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, faisant l'objet du présent programme. Les ressources zoogénétiques concernées par cette délégation font l'objet d'une liste positive de 49 espèces (Tableau 2) mais par contre, en raison de subtilités administratives, 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 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 (2^{ème} niveau) et archivage (historique) des données de filiation et de performances, estimation de la valeur génétique des animaux candidats, affectation de candidats à la sélection, proposition de plans d'accouplement : conception, réalisation et appui (cas d'externalisation du traitement) aux entreprises de sélection.
- Gestion et conservation de la variabilité génétique dans les populations et espèces concernées : conception et réalisation (Programmes de R&D ou actions incitatives).
- Développement de méthodes de gestion de la reproduction et de sélection dites innovantes (incluant les applications liées à la mise en œuvre des outils génomiques) et transfert aux entreprises de sélection : conception (Programmes de R&D), réalisation et appui au transfert au profit des entreprises de sélection.
- Cryoconservation de cellules reproductrices et de tissus biologiques des espèces concernées (gamètes, larves, échantillons biologiques) : conception (Programmes de R&D), réalisation, appui aux entreprises de sélection.
- Systèmes de management de la qualité pour les aspects génétique et sanitaire des cheptels (référentiels, plans de contrôle, audits) du dispositif génétique, propres à chaque filière concernée : conception, réalisation.

Tableau 2 : Liste actualisée 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 CNAG1 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>	
	Huître portugaise	<i>Crassostrea angulata</i>	CNAG du 19 Mai 2017 Extension Délégation
	Pintadine, pinctadine, mélégrine, 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 clovisse	<i>Venerupis corrugata</i>	
	Palourde européenne ou Palourde commune	<i>Venerupis decussata</i>	

¹ 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 Extension Délégation
	Crevette à pattes blanches	<i>Litopenaeus vannamei</i>	
	Chevrette d'eau douce ou crevette géante d'eau douce	<i>Macrobrachium rosenbergii</i>	CNAG du 19 Mai 2017 Extension Délégation
	Crevette japonaise	<i>Penaeus japonicus</i>	
	Crevette tigrée	<i>Penaeus monodon</i>	CNAG du 23 Oct. 2018 Extension Délégation

Piscicoles dulçaquicoles	Truite arc-en-ciel	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	CNAG du 4 octobre 2007 Délégation initiale Mise en application de l'Article 4 de l'Arrêté du 31 juillet 2007
	Truite commune (ou fario)	<i>Salmo trutta</i>	
	Ombre de fontaine	<i>Salvelinus fontinalis</i>	
	Esturgeon sibérien	<i>Acipenser baeri</i>	
	Perche commune	<i>Perca fluviatilis</i>	CNAG du 17 Nov. 2010 Extension Délégation
	Carpe commune	<i>Cyprinus carpio</i>	CNAG du 19 Mai 2017 Extension Délégation
	Tilapia du Nil (ou tilapia gris)	<i>Oreochromis niloticus</i>	
	Tilapia du Mozambique	<i>Oreochromis mossambicus</i>	
	Tilapia Wami	<i>Oreochromis urolepsis</i>	
	Tilapia bleu	<i>Oreochromis aureus</i>	
	Tilapia rouge (ou tilapia gueule rouge)	Hybride fertile de 4 espèces (<i>O. niloticus</i> , <i>O. mossambicus</i> , <i>O. hornorum</i> & <i>O. aureus</i>)	
	Ombre alpin	<i>Salvelinus alpinus</i>	
	Esturgeon bélouga	<i>Huso huso</i>	
	Esturgeon osciètre	<i>Acipenser guldenstatii</i>	
Esturgeon ruthenus	<i>Acipenser ruthenus</i>		
Piscicole Euryhaline	Saumon Atlantique	<i>Salmo salar</i>	CNAG du 7 avril 2010 Extension Délégation

Piscicoles marines	Bar	<i>Dicentrarchus labrax</i>	CNAG du 4 octobre 2007 Extension Délégation
	Daurade	<i>Sparus aurata</i>	
	Turbot	<i>Scophthalmus maximus</i>	
	Maigre	<i>Argyrosomus regius</i>	
	Ombre ocellée	<i>Sciaenops ocellatus</i>	CNAG du 7 avril 2010 Extension Délégation
	Sérieole couronnée	<i>Seriola dumerili</i>	CNAG du 19 Mai 2017 Extension Délégation

Insecte	Mouche soldat noir	<i>Hermetia illucens</i>	CNAG du 23 Oct. 2018 Extension Délégation
---------	--------------------	--------------------------	--

Les productions avicoles et aquacoles s'inscrivent dans le contexte global de libéralisation des échanges internationaux, d'une diminution de la part du budget consacrée à l'alimentation, d'attentes croissantes en matière de bien-être, de traçabilité et de qualité des produits et plus globalement de durabilité des filières animales. 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

La volaille est la première viande consommée dans le monde et la deuxième en France, avec 28kg de volaille consommée par habitant et par an. La France est le 3^{ème} pays producteur de volailles en Union Européenne avec 1 732 MTEC, derrière la Pologne (2 545) et le Royaume-Uni (1 948) et elle est talonné par l'Espagne (1 625). La production de poulet est largement en tête avec 83% de la production, suivi de la dinde à 13% puis par les canards. La production indigène est à la baisse (-1,9%), alors que les importations de viandes et préparations de volailles sont à la hausse (+1,8%) ce qui contribue à un accroissement du déficit commercial de la France (1,4 Milliards d'euros en 2019 +2,2%/2018). La production de poulets en Label Rouge est plutôt stable à environ 15%, seule la production en Agriculture Biologique est à la hausse (+8%/2018), même si elle reste encore anecdotique (< à 2%).

Au-delà de ce panorama global, 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 couver (OAC) et des poussins d'un jour, dont les exportations contribuent pour plus de 80% à l'excédent de la balance des échanges commerciaux de la génétique animale terrestre en France (118/131 millions d'€ en 2017/2018). De fait, toutes espèces avicoles confondues, la production française d'œufs à couver 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 cailleaux), 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 génèrent 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).

▪ Les filières aquacoles en France

La France métropolitaine était en 2018 le troisième producteur pêche et aquaculture de l'UE derrière l'Espagne et le Royaume-Uni, avec un peu plus de 233 000 tonnes. La conchyliculture en est le secteur prédominant avec une production estimée de 192 000 tonnes, principalement des huîtres (1^{er} producteur de l'UE) et des moules. La pisciculture produit près de 41 000 tonnes de poissons dont les produits principaux sont la truite et le saumon. Le secteur aquacole compte environ 2 735 entreprises, employant un peu moins de 10 000 emplois directs. Autosuffisante pour la production d'huître, la France importe par contre plus de 90% des produits aquatiques consommés. Ainsi, la production piscicole française reste très insuffisante pour répondre à la demande intérieure et la balance commerciale est fortement déficitaire. En outre, le secteur piscicole voit sa production décroître progressivement puisque si elle représentait 51 000 T en 2004 (Données FEAP, 2015), la pisciculture continentale produit aujourd'hui 40 000 tonnes et la pisciculture marine 5 000

tonnes. Cette diminution résulte pour l'essentiel de fermetures de sites d'élevages de truite et de poissons marins pour mises aux normes environnementales, couplées à l'absence de création de nouveaux sites.

Paradoxalement, 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, comme le passage de la truite portion à celle de grandes truites destinées à la découpe en darnes et au fumage, ou encore de consolider la mise en place de productions Label Rouge (truite fumée, turbot). Cette qualité permet aussi aux opérateurs aquacoles français d'exporter plus de 60% de leur production d'œufs et d'alevins vers des pays européens et hors de l'Union Européenne, représentant de l'ordre d'un tiers du chiffre d'affaire de la filière piscicole nationale. Ces exportations représentent annuellement entre 30 et 40 millions d'euros d'excédents dans la balance des échanges commerciaux, en compléments des 110 millions d'euros d'excédents du secteur avicole, représentant globalement près de 95% de l'excédent global.

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, contribue également à faire en sorte que 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 avicoles et aquacoles s'inscrivent dans le contexte global de libéralisation des échanges internationaux, d'une diminution de la part du budget consacrée à l'alimentation, d'attentes croissantes en matière de bien-être, de traçabilité et de qualité des produits et plus globalement de durabilité des filières animales. Dans ce contexte, le SYSAAF s'inscrit bien dans l'objectif stratégique du programme CASDAR 775 pour la programmation 2014-2020 qui est "d'Orienter les structures chargées du conseil aux agriculteurs vers le développement et la diffusion de systèmes de production innovants et performants à la fois du point de vue économique, environnemental et sanitaire, soit plus globalement vers l'agroécologie".

Références bibliographiques :

- Bulletin ANVOL - INTER FILIERES n°451 - FEVRIER 2020.
- Consommation en UE et en France, Sommet de l'Elevage 2 octobre 2019, France AgriMer
- Les marchés des produits laitiers, carnés et avicoles Bilan 2019, Perspectives 2020 FranceAgriMer.
- Les filières pêche et aquaculture en France, chiffres clés de FranceAgriMer, avril 2019

II - Organisation fonctionnelle du SYSAAF

2-1 Gouvernance

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

Six postes d'administrateurs étaient donc à pouvoir au cours de l'AG du 13 Juin 2019 ; 2 pour le secteur aquacole et 4 pour le secteur avicole. M. J. Fablet ayant quitté ses fonctions au sein de l'entreprise ISA, ainsi que M. L. Salles (SASSO) qui était démissionnaire, libéraient chacun un poste d'administrateur.

Pour le secteur aquacole, les mandats de Ms. B. Peyrou (Écloserie marine de Gravelines) et V. Murgat (Les Fils de Charles Murgat) arrivaient à échéance. Ils étaient tous deux candidats au renouvellement de leur mandat. Ms. E. Bonpunt (L'Esturgeonnière) et J. Ruhe (Milin Nevez) se sont également portés candidats.

Pour le secteur avicole, les administrateurs Mme M. Blanchet (Grimaud Frères Sélection) et M. D. Bourasseau (GiboVendée), dont les mandats arrivaient à échéance, étaient candidats à leur renouvellement. Mme M. Faure (ISA) et M. T. Burlot (Novogen) étaient également candidats.

Mmes M. Faure (ISA)(20) et M. Blanchet (Grimaud Frères Sélection)(24) ainsi que MM. D. Bourasseau (GiboVendée)(24) et T. Burlot (Novogen)(13) ont été élus au 1^{er} tour de scrutin aux postes d'administrateurs pour un mandat d'une durée de 3 ans comme représentants du secteur avicole.

MM. B. Peyrou (Écloserie Marine de Gravelines) (20) et V. Murgat (Les fils de Charles Murgat) (20) ont été élus au 1^{er} tour du scrutin aux postes d'administrateurs pour un mandat d'une durée de 3 ans comme représentants du secteur aquacole.

La composition du nouveau conseil d'administration au 13 juin 2019 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), Emmanuel Mazeiraud (Sources de l'Avance - Groupe Aqualande), Bertrand du Mesnildot (SATMAR), Vincent Murgat (Pisciculture Murgat) et Bruno Peyrou (Écloserie 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) et M. 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 2019-2020 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 de SYSAAF : Composition du Conseil d'Administration et du bureau... depuis le 13 Juin 2019



Figure 2 : Membres et composition du bureau du Conseil d'Administration du SYSAAF (AG 2018-2019).

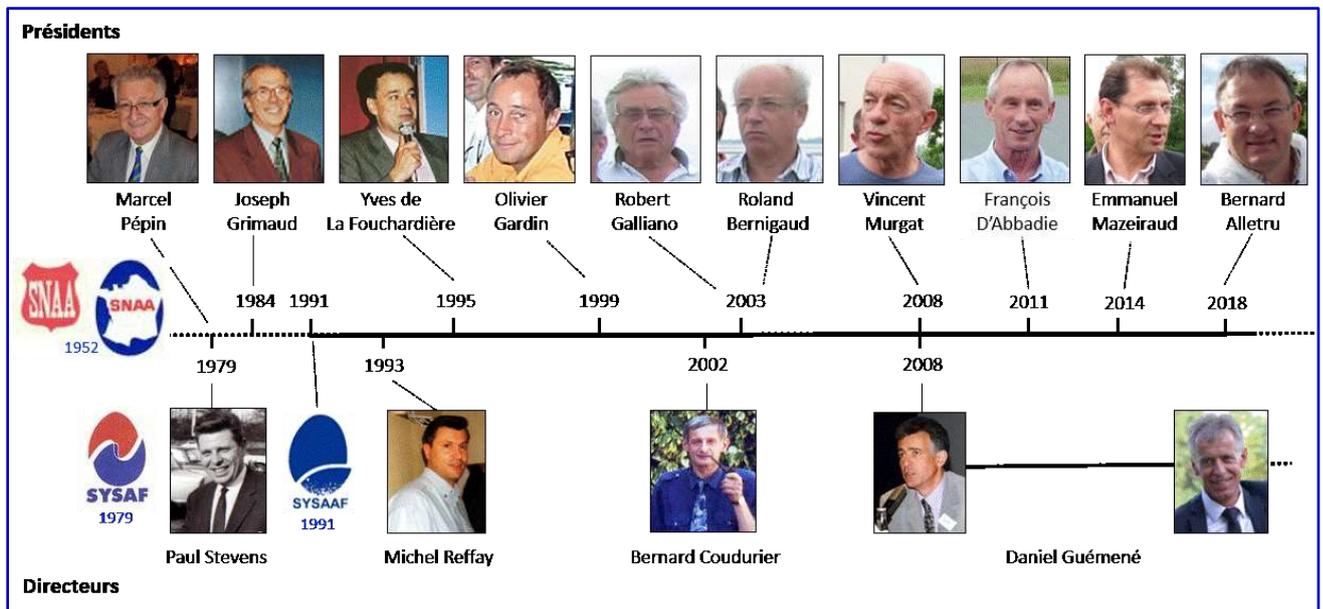


Figure 3 : Présidents et directeurs successifs du SNAA, SYSAF et SYSAAF.

Quatre conseils d'administration ont été organisés en 2019 (les 4 Février, 22 mai, 13 juin et 14 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, un moment de convivialité unique entre les adhérents des différentes filières, les salariés du SYSAAF, ainsi que plusieurs représentants de nos divers partenaires. En 2019, ce temps fort de la vie de notre structure a été organisé à Oloron-Sainte-Marie (64) le jeudi 13 juin 2019. Ce lieu a été choisi suite à une invitation du directeur des Viviers de Sarrance, M. F. Cachelou, pour faire découvrir sa pisciculture. Une journée technique organisée la veille, le 12 juin, a permis à l'ensemble des invités de l'AG de visiter les 2 sites de production des Viviers de Sarrance, mais également les chais des caves de Jurançon à Gan.

Concernant l'Assemblée Générale du 13 juin, 17 adhérents étaient présents (8 adhérents aquacoles et 9 avicoles), et également 10 représentés (8 adhérents aquacoles et 2 avicoles ayant donné un pouvoir). Ce sont donc 27 adhérents qui étaient représentés à l'Assemblée Générale sur 34 adhérents qui, étant à jour de leur cotisation, pouvaient statutairement participer à l'AG.



Illustrations de la visite des piscicultures des Viviers de Sarrance lors de l'AG 2019 du SYSAAF

Après ouverture de l'AG par M. B. Alletru en tant que Président, M. D. Guémené a présenté le rapport d'activité 2018, qu'il a illustré au travers des faits marquants de l'année, puis le rapport financier. Les rapports d'activité et financiers, 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 Mme R. Richer au nom de M. Gérard Bréal (KPMG), notre commissaire aux comptes.



Illustrations de la visite des Caves de Jurançon (Gan) lors de l'AG 2019 du SYSAAF

Au-delà de ces aspects statutaires, les salariés recrutés depuis l'AG précédente ont pu se présenter à l'auditoire. M. M Tessier, chargé de mission en CDD a exposé son travail sur le programme CanArray, ainsi que Mme F. Renard-Dewynter qui a fait part de son parcours antérieur à son embauche en Août 2018 et présenté ensuite ses missions au sein du SYSAAF. Ensuite, Mme M. Charrier doctorante en thèse CIFRE en partenariat avec l'InterproChasse dans le cadre du programme GibAdapt, a présenté ses premiers résultats.

En seconde partie de programme, ce fut au tour de Mme Ana Granados- Chapatte, directrice de l'EFFAB, de présenter le code EFABAR et de montrer l'intérêt de son adoption, puis de donner un point d'actualité réglementaire et techniques concernant les Nouvelles Technologies Génétique, en particulier l'édition du génome. Enfin M. Matthieu La Fay, directeur associé de ComPublics-Asso, a présenté le Forum Hommes, Animaux, Société qu'il anime et dont l'objet est de promouvoir une vision humaniste de la société, s'opposant à la version animaliste promu par certaines associations extrémistes. Ce forum au travers de son comité scientifique, prend en particulier position dans la sphère publique en donnant la parole à des philosophes, des vétérinaires, des anthropologues, des sociologues, des économistes, des nutritionnistes, des juristes... afin de proposer une vision réfléchie, juste et équilibrée de la place des animaux par rapport à l'être humain.

Le mot de la fin revenait naturellement à M. B. Alletru en tant que Président du SYSAAF. Celui-ci a notamment souligné l'aspect incontournable de la génomique, l'importance des financements publics dans le fonctionnement du SYSAAF, l'importance de l'appui scientifique apportée par les partenaires, ainsi que la nécessité de faire évoluer les modes d'élevage, pour être en phase avec les attentes sociétales, puis a conclu en remerciant l'ensemble des acteurs, adhérents, partenaires, prestataires présents ou non à cette AG, qui

sont impliqués directement ou non dans le fonctionnement du SYSAAF et tout particulièrement les salariés, pour leur implication au quotidien.



Le président et des convives au cours du diner, et portraits des orateurs de l'AG 2019 du SYSAAF

2-3 Ressources humaines

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

Comme les années précédentes, l’organigramme a encore beaucoup évolué au cours de l’année 2019 comme vous pouvez vous en rendre compte en regardant les illustrations ci-dessous (Figures 4a & 4b).

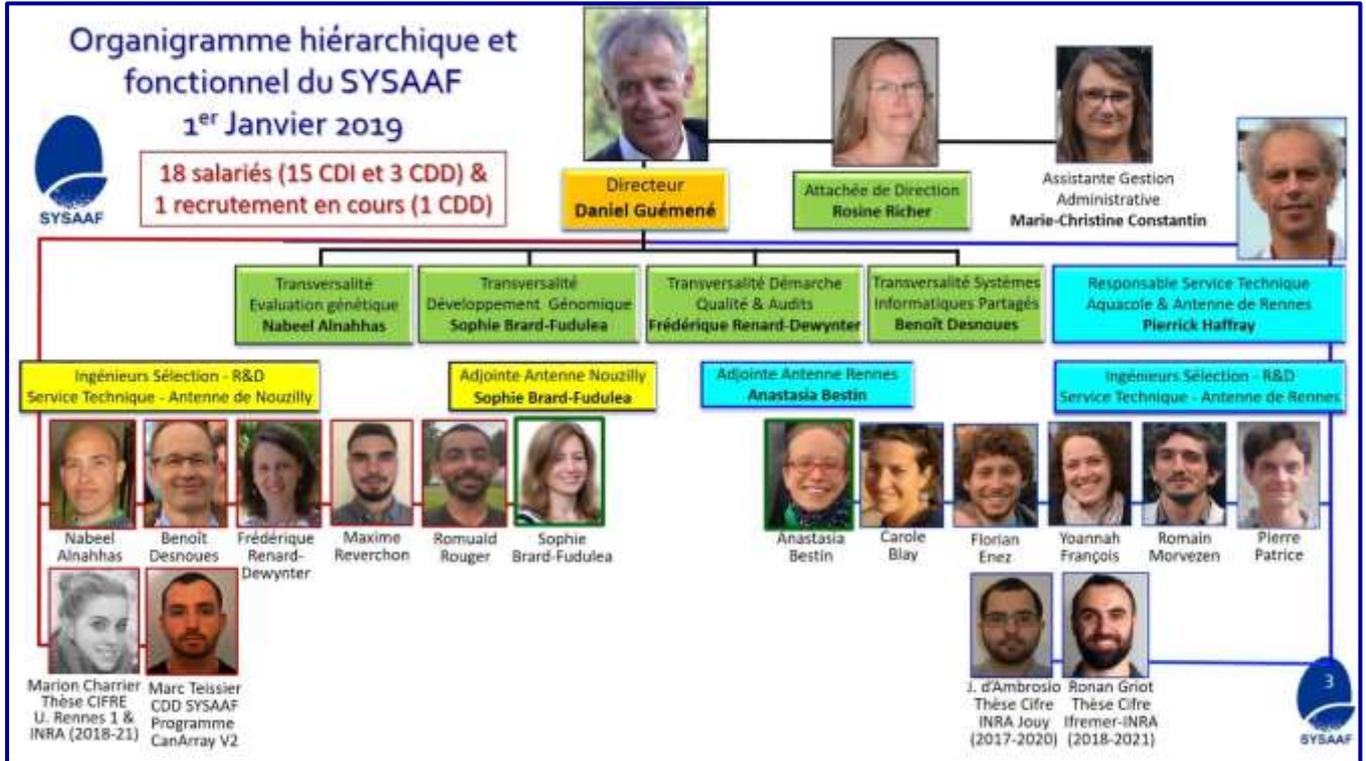


Figure 4a : Organigramme hiérarchique et fonctionnel du SYSAAF (1er janvier 2019)

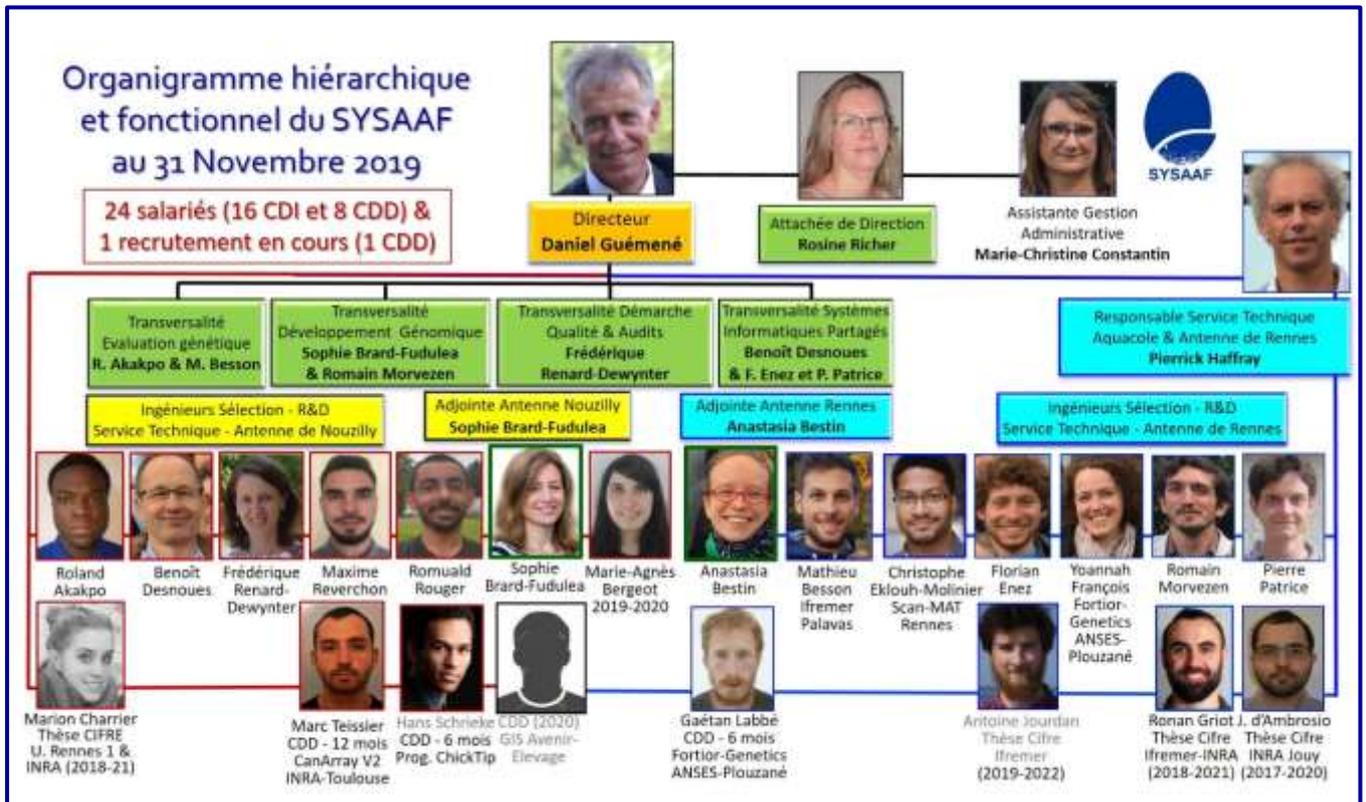


Figure 4b : Organigramme hiérarchique et fonctionnel du SYSAAF (30 Novembre 2019)

Au 1^{er} janvier 2019, l'effectif du SYSAAF était de 18 personnes avec 15 salariés en CDI et 3 en CDD, et de 24 en fin d'année (16 salariés en CDI et 8 en CDD) ; effectif auxquels il faut adjoindre son directeur, mis à disposition par l'INRA. Un effectif jamais atteint auparavant, alors que l'année fut marquée par les départs de Nabeel Alnahhas (Nouzilly) et Carole Blay (Rennes) qui ont successivement quitté leur fonction pour convenances personnelles au 1^{er} trimestre 2019. Ceux-ci furent compensés par les recrutements de 3 salariés en CDI, avec par ordre d'arrivée, Mathieu Besson et Christophe Ekloud-Molinier à Rennes et Roland Akakpo à Nouzilly, ainsi que de 4 en CDD, avec Marc Tessier (Toulouse-Nouzilly), Marie-Agnès Bergeot en apprentissage et Hans Schrieke à Nouzilly, ainsi que Gaétan Labbé (Plateforme Fortior-Genetics à Plouzané).

Les ressources humaines du SYSAAF disponibles ont globalement représenté 21,1 ETP salariés en 2019, 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 (0,5 ETP) et de stagiaires en stage de fin d'étude ou en cours de cursus (0,90 ETP). Ce sont donc plus de 22,5 ETP qui ont travaillé en synergie pour accompagner au quotidien les adhérents des filières avicoles, aquacoles et entomocole 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.

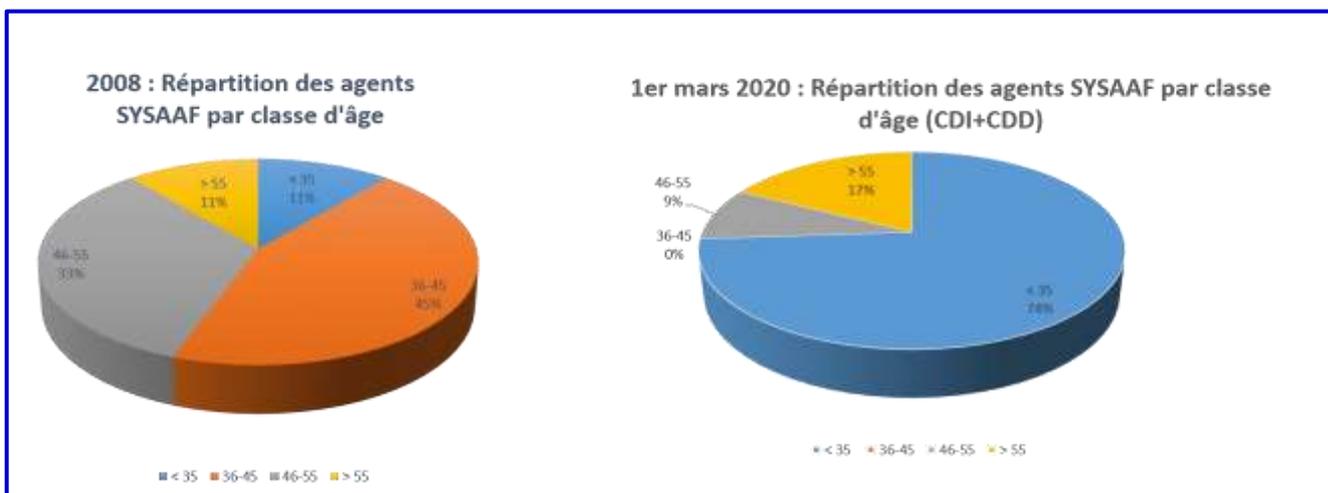
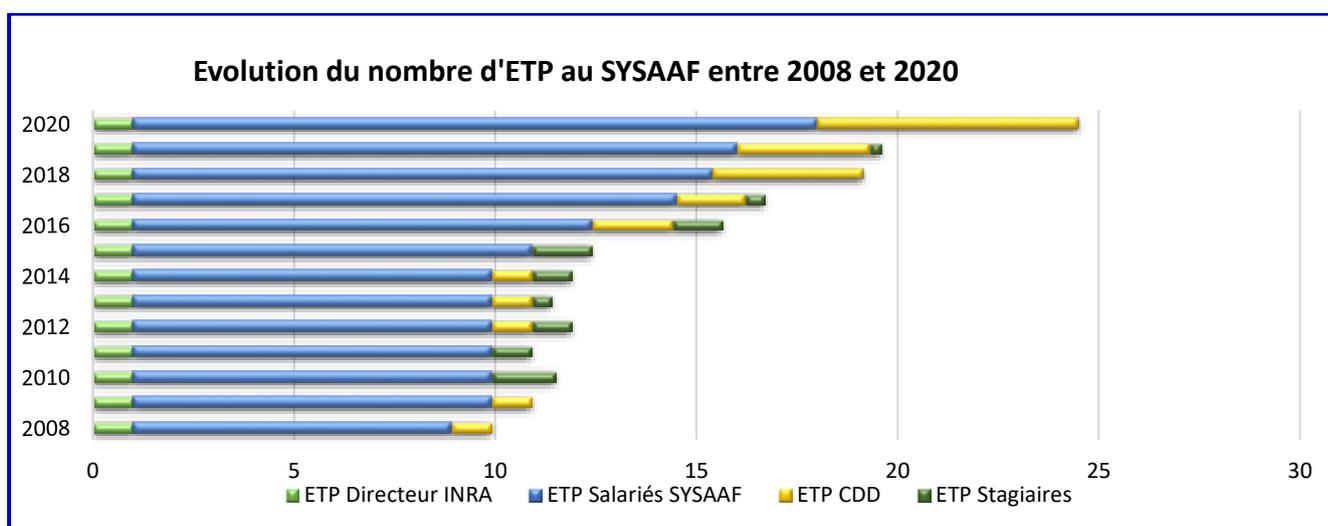


Figure 5 : Evolution du nombre d'ETP entre 2008 et 2020 et répartition des salariés par classe d'âge.

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 10 ans (45,5 en 2008 vs 35,5 en 2018 et 2019 [CDI& CDD]). Par contre, le départ de salariés engendre des situations critiques qui peuvent être difficiles à gérer en raison d'une perte de compétences et de savoir-faire, et cela peut également générer un surcroît de travail pour les salariés restants en poste, avec la prise en charge de nouveaux dossiers, associé au besoin d'assurer des formations aux nouveaux arrivants. Néanmoins, force est de constater que 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 c'est poursuivi début 2019, avec par exemple l'embauche en CDI d'un physicien, ainsi que d'un statisticien en CDD dans le cadre du programme Chick'Tip.

Il nous faudra également gérer de nouveaux recrutements en 2020, d'une part pour pallier au départ en fin d'année du Directeur, mais aussi d'ici là pour répondre à de nouveaux besoins spécifiques (Filière entomocolé, Machine Learning, GWAS et Génomique, etc...).

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

Les 24 salariés du SYSAAF sont majoritairement localisés sur deux sites. Le site historique de Nouzilly où est basé son siège social, sur le Centre INRAE Val-de-Loire au sein de l'Unité Mixte de Recherches Biologie des Oiseaux et Aviculture (UMR-BOA). Le 2nd site est au sein du 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, soient 11 personnes au 1^{er} mars 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, son assistante. Ce service bénéficie en complément de l'implication de Daniel Guémené, mis à disposition par l'INRAE en tant que directeur du SYSAAF. Pour l'antenne de Rennes, Pierrick Haffray est responsable technique des activités du secteur aquacole assisté par une adjointe Anastasia Bestin et est responsable hiérarchique des salariés du secteur aquacole.

Six ingénieurs en CDI sont hébergés sur le site de Nouzilly avec par ordre d'ancienneté, Benoît Desnoues, Sophie Brard-Fudulea, Maxime Reverchon, Romuald Rouger, Frédérique Renard-Dewynter, et Roland Akakpo, ainsi qu'une apprentie, Marie-Agnès Bergeot et de deux ingénieurs en CDD, Marc Tessier et Hans Schrieke respectivement recrutés dans le cadre des programmes R&D CanArray et Chick'Tip, tous deux embauchés en cours d'année 2019. Marion Charrier, doctorante rattachée aux 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. Marc Tessier était quant à lui hébergé au sein de l'unité PeGaSE du Centre INRA de Toulouse et a terminé son contrat début 2020. Les salariés du service travaillaient sous la responsabilité hiérarchique et fonctionnelle directe du directeur du SYSAAF, jusqu'à fin 2019. Sophie Brard-Fudulea, qui apportait alors une assistance sur le plan fonctionnel, a pris la responsabilité hiérarchique de ce service à compter du 1^{er} Janvier 2020. Au niveau fonctionnel, les activités du service biotechnologie de la reproduction sont sous la responsabilité fonctionnelle de Maxime Reverchon et celles du service sélection et indexation pour les espèces avicoles sous celle de Benoît Desnoues. Sauf exception, les adhérents du secteur avicole n'ont pas d'interlocuteur privilégié au sein du service, mais *a minima* un binôme d'interlocuteurs qui peut potentiellement être différent à chaque session de traitement. Les salariés de ce service 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. Par ailleurs, 4 de ses salariés sont également animateur de l'une des transversalités du SYSAAF. Globalement ce sont donc environ l'équivalent de 9 ETP qui travaillent au sein de ce service au 1^{er} janvier 2020.

L'effectif du service technique aquacole, est de 8 salariés au 1er janvier 2020, en l'occurrence par ordre d'ancienneté Pierrick Haffray, Anastasia Bestin, Florian Enez, Romain Morvezen, Pierre Patrice, Mathieu Besson et 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. Site sur lequel, a également été recruté Gaëtan Labbé dans le cadre d'un CDD de 6 mois en 2019. Également rattachés à ce service trois doctorants recrutés en thèse CIFRE sont répartis sur les sites suivants : Jonathan D'ambrosio est hébergé au sein de l'unité GABI sur le site de INRAE du Centre Jouy-en-Josas (78), Ronan Griot l'est au sein de l'unité MARBEC du site Ifremer de Palavas (34), et Antoine Jourdan sur le site Ifremer de La Tremblade (17) recruté dans le cadre des programmes QualityHuitre et Aqualmpact.

Globalement ce sont donc 11 ETP qui travaillent exclusivement pour le secteur technique aquacole au 1er janvier 2020, auxquels il faut adjoindre des contributions plus ponctuelles d'autres salariés et du directeur représentant environ 2,5 ETP. 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 :

- 3 Le départ de salariés résulte toujours en une perte de savoir-faire et d'expérience et l'année 2019 n'y fait pas exception avec les départ de Nabeel Alnahhas et Carole Blay. Néanmoins, le renouvellement du personnel et l'augmentation du nombre de salariés apparaissent également comme 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. Ainsi Mme Sophie Brard-Fudulea a été identifiée comme responsable hiérarchique pour le site de Nouzilly, alors qu'Anastasia Bestin était confortée dans son rôle d'adjointe sur le site de Rennes. Un comité de direction composé du directeur et des deux responsables de site est également mis en place en 2020. 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. 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 sera 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).

En 2019, le séminaire annuel de lancement a été organisé les 26 et 27 septembre à Chinon. Les échanges entre les salariés du SYSAAF ont été riches. Cela fut en particulier l'occasion pour chacun des salariés de se présenter et de faire le point sur les activités réalisées tout au long de l'année dans le cadre des différentes transversalités pour se projeter sur l'année à venir (2019/2020). Un temps plus long a été accordé pour une discussion concernant le profil du futur(e) directeur(trice). Ce séminaire fut aussi l'occasion de moments de détente, avec la visite d'une cave viticole associée à une dégustation d'un cru local et la découverte de la boule de fort au musée Picroboule de Lerné.

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).



Les salariés du SYSAAF en séminaire de rentrée à Chinon en Septembre 2019, alternent les séances de travail et les moments de convivialité

3-3-1 Une démarche qualité

Le volume horaire de cette transversalité représente l'équivalent d'un ½ ETP en 2019. Les principales tâches ont été la mise à jour et la maintenance de l'OGT 2019, ainsi que la préparation de celui de 2020, 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) début 2019.

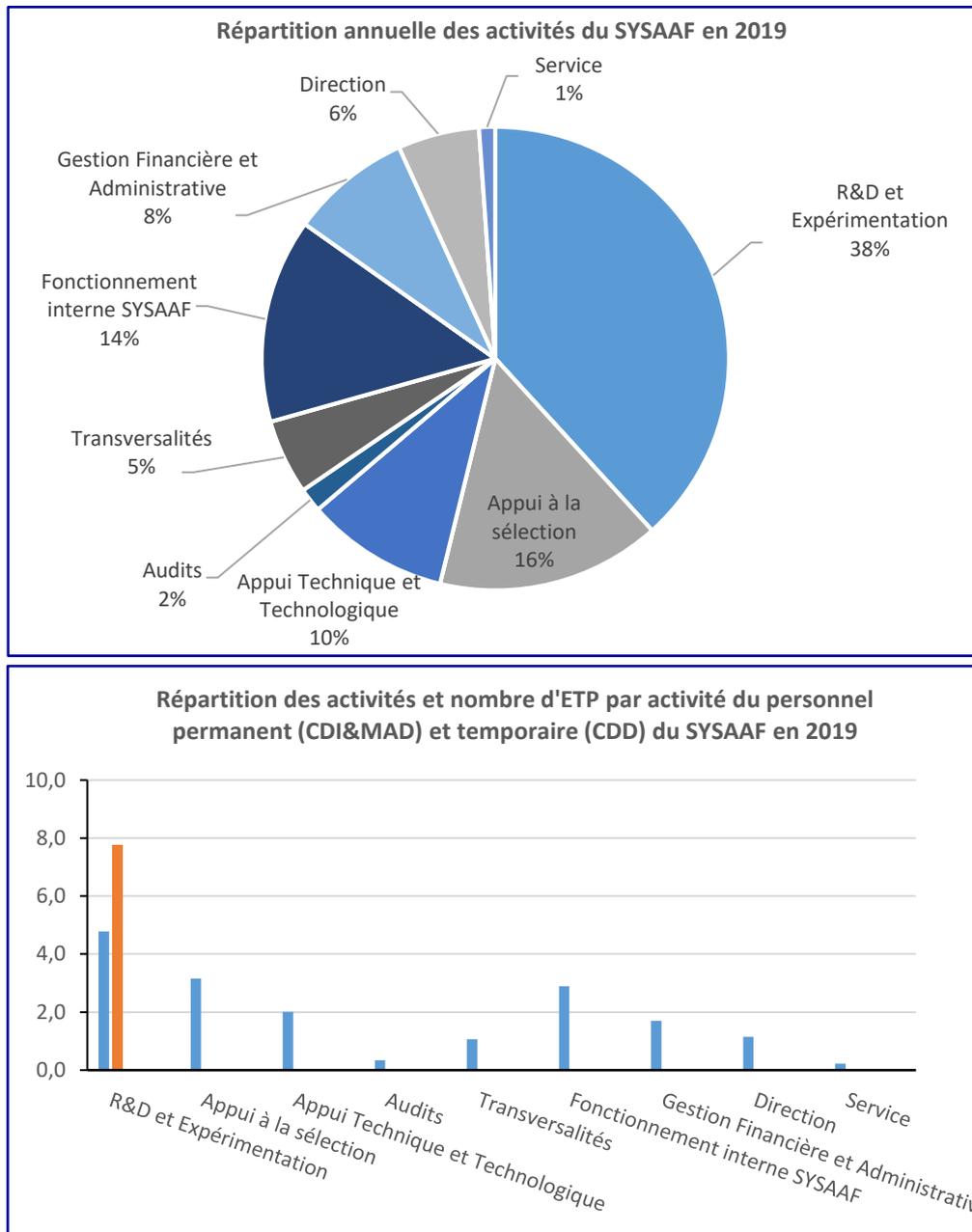


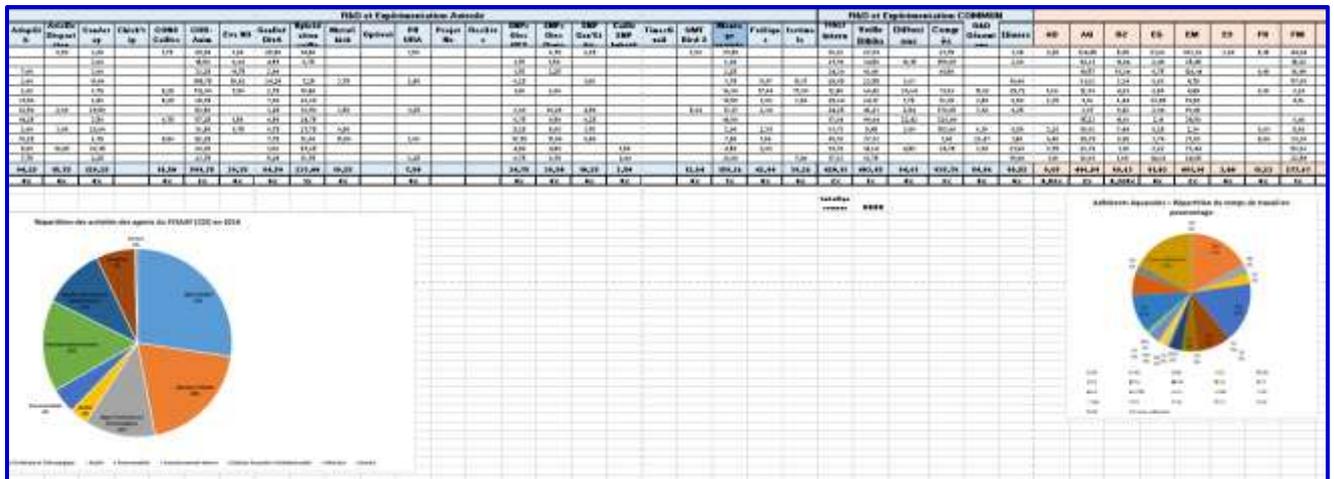
Figure 7 : Répartition annuelle par activités et en nombre d'ETP du personnel permanent (CDI & MAD) et temporaire (CDD) du SYSAAF en 2019 (22,1 ETP dont 1 MAD, 16 CDI et 8 CDD).

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 (Figure 8). 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 7). 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. Depuis le 1^{er} janvier 2019 l'ensemble des salariés CDI et MAD du SYSAAF, utilisent la version V4 OGT 2019.

Figure 8 : Extrait d'une feuille de compilation de données de l'Outil de Gestion du Temps (OGT)

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 clair 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.

L'installation de l'outil GED (Figure 9), commandé en 2018, a eu lieu en février 2019 dans les services du SYSAAF. Frédérique Renard-Dewynter en est l'administratrice principale et Benoît Desnoves a participé au déploiement en tant qu'informaticien. La GED facilite le classement, la traçabilité et la mise à disposition en ligne des documents du SYSAAF qui sont sauvegardés automatiquement et accessibles, quel que soit la localisation de la connexion. Son utilisation concerne l'ensemble des salariés en CDI et CDD.

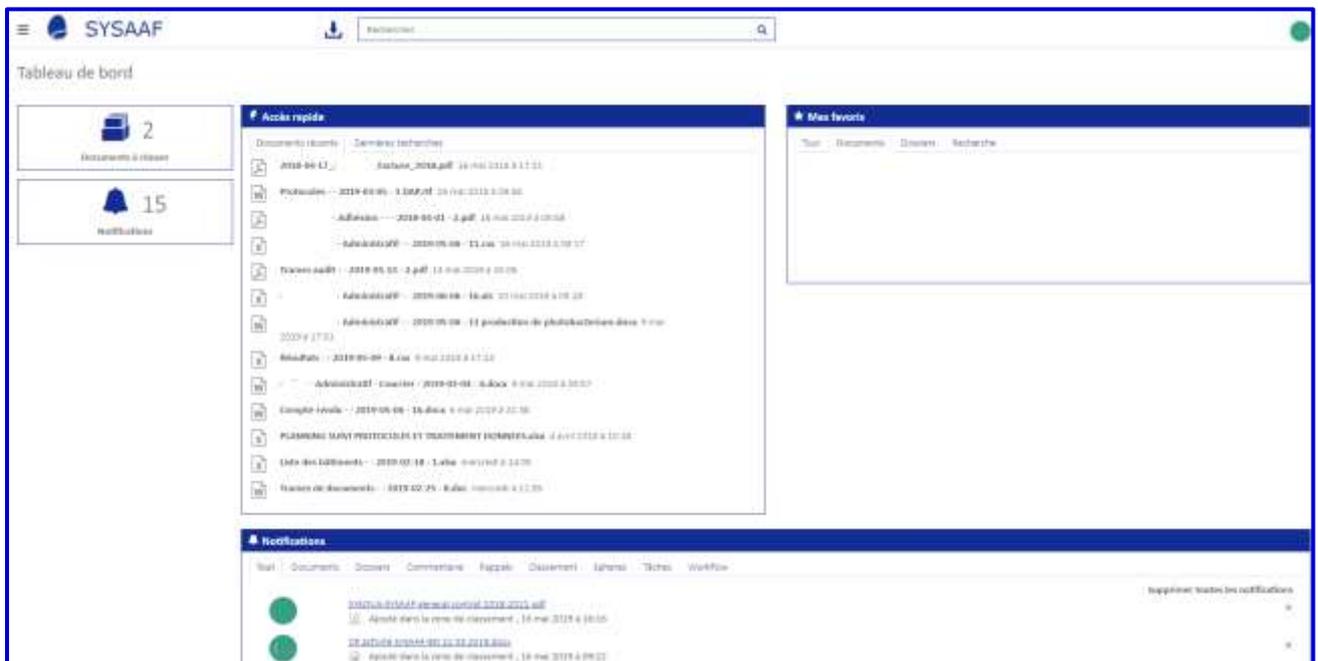


Figure 9 : Illustration de la GED version SYSAAF d'Open Bee

Enfin, la mise à jour et l'actualisation du site internet *sysaaf.fr* sont régulièrement faites (Figure 10), certains documents étant également traduits en anglais. N'hésitez pas à le consulter et à faire des propositions d'évolutions à Frédérique ou à lui transmettre des informations et des contenus en lien avec les activités du SYSAAF qui pourraient y avoir toute leur place.

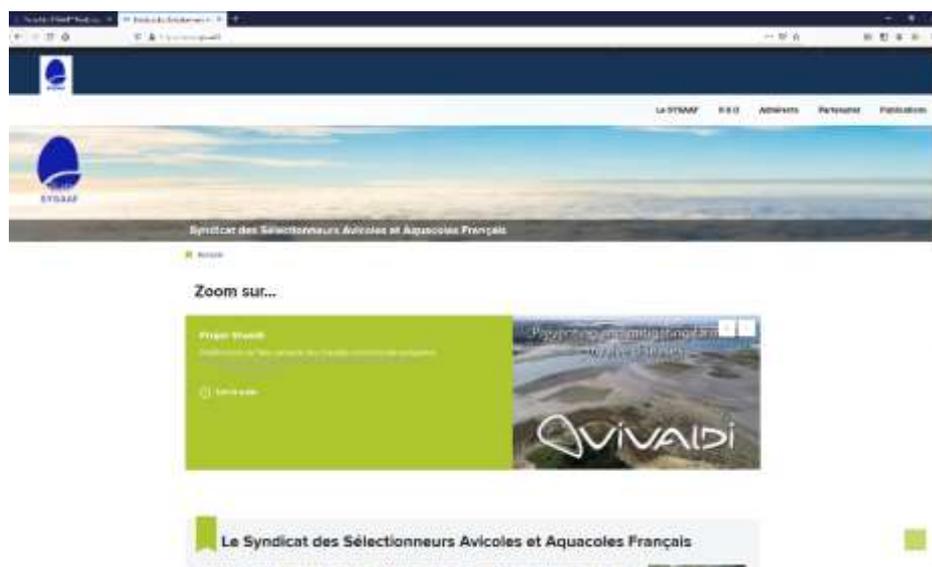


Figure 10 : Illustration de la page d'accueil du site internet du SYSAAF (www.sysaaf.fr)

3-3-2 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 (Annexe 4) ou techniques (Annexe 12) ou des programmes expérimentaux (Annexe 3). D'autres ne peuvent être assurées qu'en interne par d'autres agents du SYSAAF, principalement dans le cadre des transversalités.

Les formations assurées par les organismes agréés peuvent être partiellement prises en charge par l'OPCA Uniformation dont dépendait le SYSAAF jusqu'en 2019. A compter de 2020, le SYSAAF dépendra d'un nouvel OPCA, 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, ce qui n'était pas le cas d'Uniformation qui est l'OPCA de la Cohésion sociale.

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 de laboratoires au sein d'organismes de recherche.

3-3-3 Une gestion des risques professionnels

Les équipes du SYSAAF ayant fortement évolué, les registres spécifiques identifiant, analysant et évaluant les risques pour chaque agent des 2 sites d'implantation doivent être mis à jour pour rester en conformité avec la réglementation. Néanmoins, si les missions sont exécutées par de nouveaux salariés, la nature des activités reste globalement similaire et les registres identifiant les risques professionnels en lien avec les missions sont disponibles sur les sites respectifs. Ces registres ont été réalisés à partir des fiches de l'outil de pilotage de la prévention de l'INRAE (fiches OPPI) disponibles dans les différentes structures de l'INRAE (UMR-BOA Nouzilly (& PEAT Nouzilly), LPGP Rennes) où sont hébergés les agents du SYSAAF. Romain Morvezen et Frédérique Renard-Dewynter sont titulaires et à jour de leur formation du brevet de sauveteur secouriste du travail (SST).

2-4 Ressources financières

2-4-1 Budget annuel 2019

Le budget 2019 présente un excédent de 37.088€, pour un résultat global sur l'exercice d'un montant de 1.791.323€ (Figures 11 & 12). Celui-ci est en décroissance par rapport à celui de 2018 d'environ 5% (129K€), mais en augmentation de près de 15% par rapport à celui de 2017. Ces variations résultent de variations importantes des produits associés aux programmes expérimentaux, les frais facturés aux adhérents augmentant modérément, alors que les financements du programme CASDAR 775 et du CIR restaient relativement stables. Le CIR s'élève à 428.411€ au titre de l'année 2019, représentant presque un quart du budget (23,6%). Ce montant correspond au cumul d'un montant de CIR à solliciter au titre de l'année 2019 de 398.816€ et de 29.595€ pour une reprise partielle de provision faite les années antérieures à la demande de KPMG.

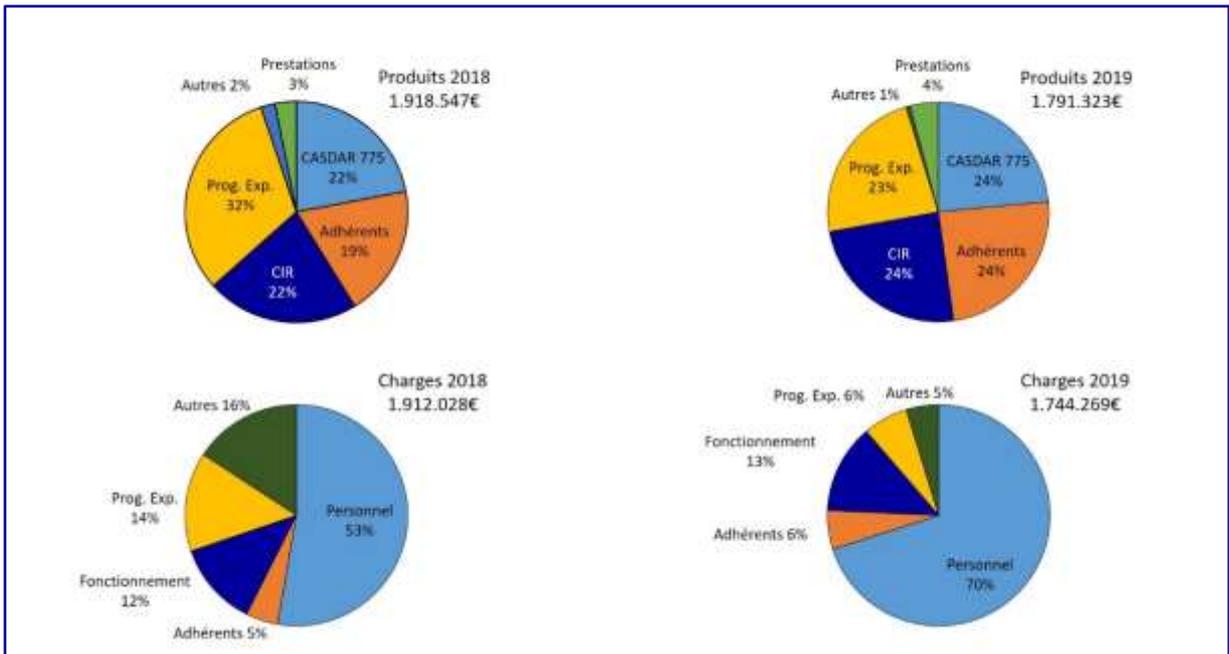


Figure 11 : Répartition des charges et produits des budgets 2018 et 2019 du SYSAAF.

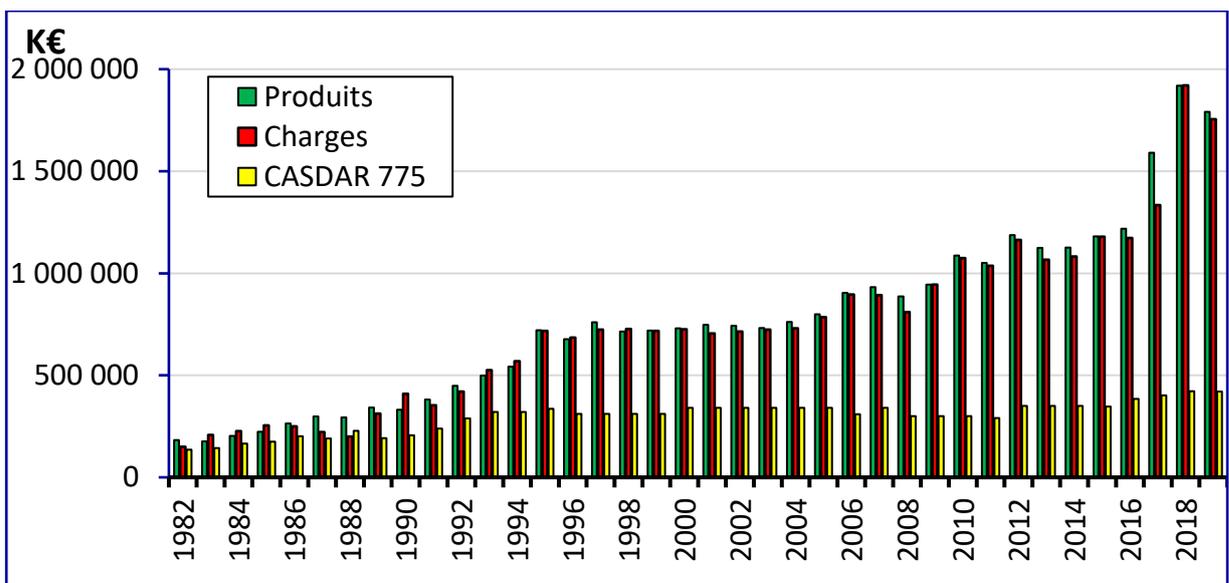


Figure 12 : Evolution des budgets annuels du SYSAAF depuis 1982 et du soutien financier perçu annuellement dans le cadre de l'enveloppe Génétique Animale (Programme CASDAR 775).

Concernant les charges, les frais de personnel représentent près de 70% du montant, incluant la prise en charge auprès de l'INRA de la mise à disposition du directeur. Celle-ci correspond à plus de 10% du montant global des frais de personnel. Par ailleurs, environ ¼ de ce montant est pris en charge dans le cadre des

programmes expérimentaux, correspondant à plus de 320K€, néanmoins ce poste est par construction déficitaire puisqu'à de rare exception la prise en charge des frais expérimentaux est limitée à 80%. Les dépenses de fonctionnement de base du SYSAAF sont inférieurs au prévisionnel de même que celles résultant des programmes expérimentaux.

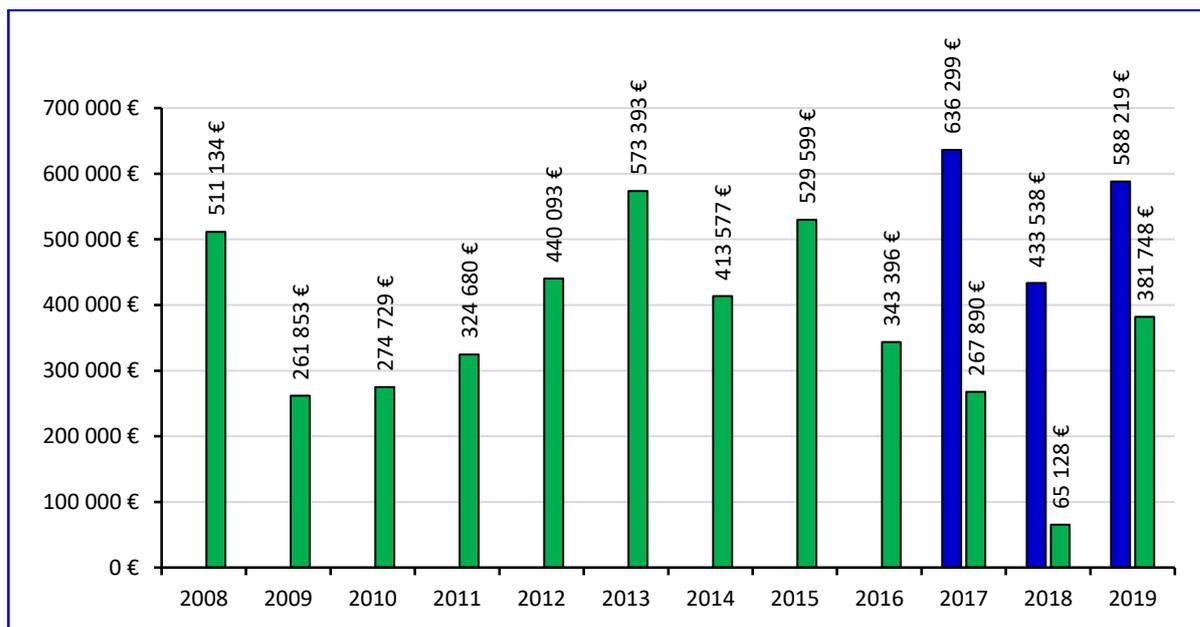


Figure 13 : Evolution du solde de la trésorerie en fin d'exercice de 2008 à 2019 (En vert : Trésorerie réellement disponible en fin d'année déduction faite d'une avance de trésorerie pour un montant de 368 409€ en 2017 et 2018, puis de 206.471€ fin 2019).

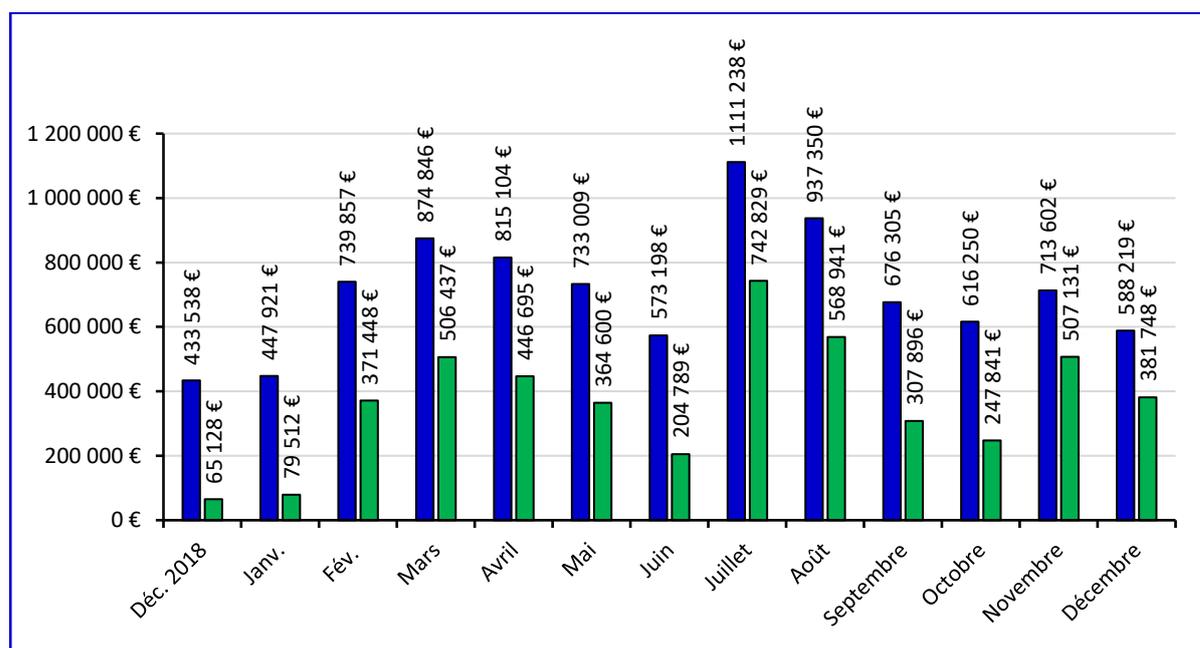


Figure 14 : Evolution mensuelle du solde de la trésorerie en 2019 (En vert : Trésorerie réellement disponible déduction faite d'une avance de trésorerie pour un montant initial de 368 409€, puis de 206.471€ à compter de Nov. 2019).

Le soutien dans le cadre de l'enveloppe "CASDAR Programme 775" a été de 421.001€ en 2019. 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 (23,5%), correspondant à 30% des produits hors CIR. En 2019, les diverses facturations aux adhérents (adhésion et frais d'expérimentation-sélection) [24,3%] représentent également près d'un quart du budget de même que les expérimentations [22,9%] ; les prestations hors adhérents et produits "autres" représentant un peu plus de 5%.

La trésorerie disponible au 31 Décembre 2019 est positive, s'élevant à 588.219€ vs 433.538€ au 31 Décembre 2018, résultant en un solde positif de 154.681€ (Figures 13 & 14). Néanmoins, des avances-prêts avaient accordé au SYSAAF en 2017 par cinq adhérents aquacoles pour un montant global de 368.409€ afin qu'il puisse procéder à l'achat de puces de génotypage, préalable au démarrage des projets SG-Truite et GeneSea financés par le programme FEAMP. Pour mémoire, 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. Un 1^{er} versement a été perçu par le SYSAAF pour le programme SG-Truite en cours d'année et le solde restant à rembourser n'est plus maintenant que de 206.471€. En prenant en compte, l'évolution du montant de ces créances, la trésorerie réellement disponible a donc évoluée de 62.714€ au 31 Décembre 2018 à 381.748€ au 31 Décembre 2019. La trésorerie réellement disponible a donc augmenté de 316.620€ en 2019 et a été positive tout au long de l'année, contrairement à l'année 2018. Comme les dernières années, le 1^{er} versement du financement du programme CAS-DAR 775 de l'année 2019, correspondant à un montant d'environ 120K€ n'avait pas encore été perçu au 31 Décembre 2019. Le SYSAAF a par contre perçu le versement du CIR de l'année 2018, pour un montant de 402.076€ en Novembre 2019.

Les activités sous-jacentes des agents du service administratif pour l'établissement des comptes ont encore augmenté en 2019, avec des différences en fonction de leur nature. Ainsi le nombre de lignes d'écritures comptables enregistrées est restée relativement stable avec 4526 en 2019 versus 4471 en 2018, après avoir néanmoins augmenté de plus de 50% en 5 ans (3008 en 2015). Concernant le nombre de comptes mouvementés, il est de 306 en 2019, pour 242 en 2018. L'augmentation sur un an est donc de 10% et de 43% en 5 ans (214 en 2015). Ce constat, au-delà des seules activités comptables, est l'illustration de l'importante augmentation du volume global des activités des services administratifs et financiers au cours des dernières années. Cette augmentation résulte en particulier de l'augmentation des activités d'appui technique et de R&D, avec pour corollaire des besoins accrus en personnel scientifique et technique, mais également administratif (Cf. Annexe 10).

2-4-2 Tarifs des prestations aux adhérents en 2019

Correspondant à environ 24% des recettes en 2019, les facturations des adhérents sont constituées pour environ 60% 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 lignée, 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 terme 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 selon les modalités suivantes :

Secteur avicole : La facturation d'une lignée pour le secteur avicole inclut un forfait lignée de base et une facturation à la session de traitement. Le montant du forfait lignée de base (X) est d'un montant de 150€ depuis 2017 et est resté stable jusqu'en 2019, même s'il est révisable annuellement. Une session correspond à un traitement de données, incluant le calcul de valeurs génétiques et la réalisation de choix (nombre de sessions = N). La nature et le nombre de caractères à traiter sont également pris en compte. Les caractères peuvent être continus ou discrets (C ou D) et sont répartis en 3 classes selon leur nombre [<7 , ≥ 7 & <15 ou ≥ 15]. Une 4^{ème} tarification correspondra à la sélection génomique. Avec l'intégration des données génomique dans la chaîne de traitement Koala, il est plus aisé d'établir un bilan annuel du nombre de sessions réalisées et de connaître le nombre et la nature des caractères traités.

- ✓ Tarif A : Session impliquant moins de 7 caractères continus : $TS = (X / 5) \times N,$
- ✓ Tarif B : Session impliquant moins de 7 caractères, dont au moins un de nature discrète, ou plus de 7 et moins de 15 caractères continus et/ou discrets : $TS = (X / 3) \times N,$
- ✓ Tarif C : Session impliquant plus de 15 caractères ou sélection génomique : $TS = X \times N,$
- ✓ Tarif D : Session pour la sélection génomique : $TS = ((X \times 10) / 3) \times N,$

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

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

- ✓ Sélection massale (**1320 € en 2019**) : $= XaqS \text{ € (Tarification de base)}$
- ✓ Sélection massale assistée par empreintes génétiques : $= 1,5 \times XaqS$
- ✓ Sélection généalogique avec BLUP ou Choix multiplication : $= 2 \times XaqS$
- ✓ Sélection génomique: $= 3 \times XaqS$
- ✓ Lignée écloseur (**850 € en 2019**): $= XaqE$

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. Afin de préserver les règles de stabilité des cotisations annuelles rappelées ci-dessus, le principe d'application de la proposition de prendre en compte l'indice INSEE, consister à estimer le montant global de l'enveloppe de l'augmentation sur l'ensemble des cotisations et facturations annuelles, puis de répartir ce montant au prorata sur les différentes facturations annuelles (Lignées, sessions, nature des programmes). Les propositions de tarifs soumises à l'AG 2019, prenant effet en 2020, se réfère à l'indice INSEE des prix à la consommation qui était de 1,8% en 2018.

Par ailleurs, la répartition des frais proportionnels de sélection (Applicatif Informatique) entre les adhérents du secteur avicole et du secteur aquacole ne correspondant plus au taux d'utilisation, il a été décidé qu'un taux de 50% serait appliqué en 2020.

Enfin, Il a été décidé que les entreprises adhérentes du secteur entomocole seront soumises aux tarifications en vigueur dans le secteur aquacole.

Les tarifications détaillées sont disponibles sur le site internet du SYSAAF (www.sysaaf.fr).

2-5 Adhérents

Les listes des adhérents du SYSAAF et des espèces qu'ils sélectionnent en 2019, 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 3 et 4. Les coordonnées des adhérents, allant de la filiale de multinationale à l'association de sauvegarde de race locale ou de restauration écologique, en passant par des PME et TPE, sont rapportées en annexe de ce rapport (Cf. Annexes 1 [secteur aquacole] & 2 [secteur avicole]).

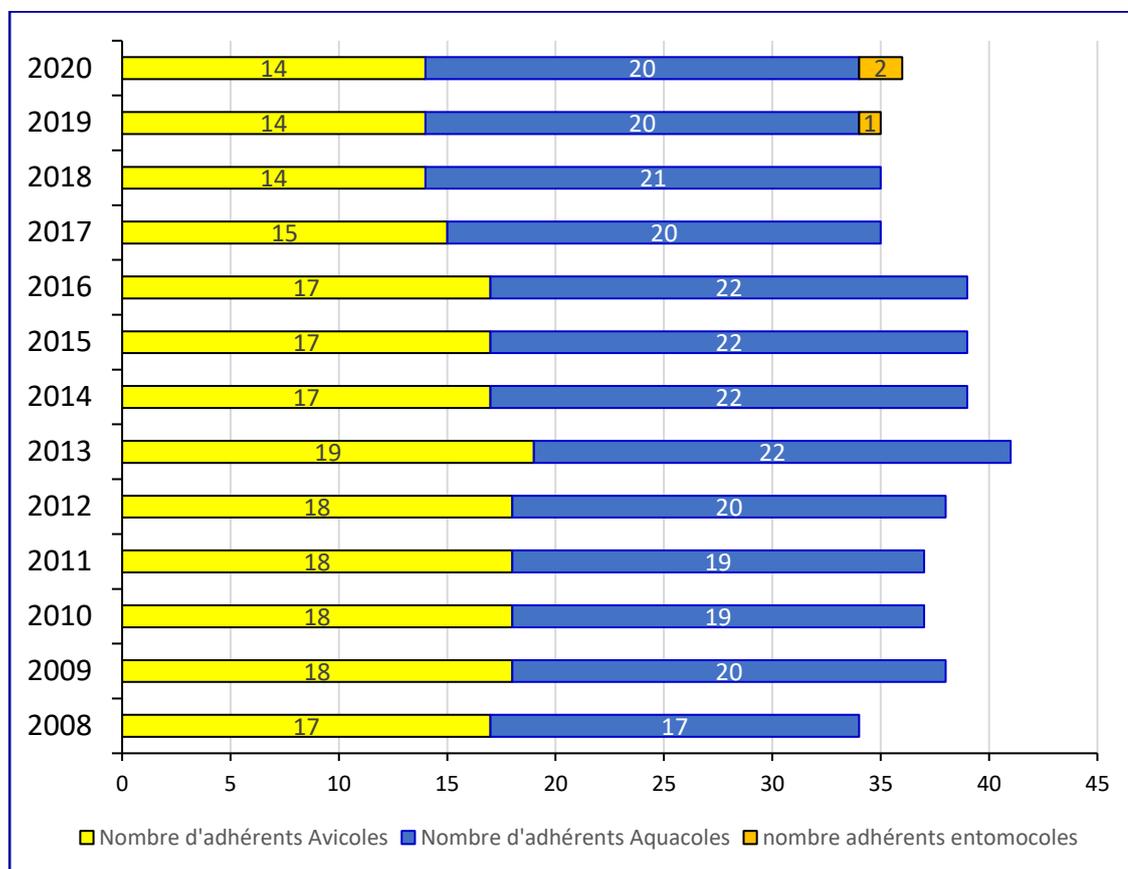


Figure 15 : Évolution du nombre d'adhérents au SYSAAF depuis 2008

Le SYSAAF comptait 34 adhérents actifs à jour de leurs cotisations lors de l'AG 2019, soit 19 adhérents pour le secteur aquacole, 14 pour le secteur avicole et un pour le secteur entomocole (Figures 15 à 17, Tableaux 3 à 5). 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 3 : 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	Truite Arc en Ciel					?						?																				
ADECAL (Nouvelle Calédonie)	Crevette bleue																															
Alpes Aquaculture	Truite Fario					?																										
Aqua.Etude.Indust	Silure, Carpe					?																										
Aqualande - Les Sources de l'Avance	Truite Arc en Ciel																															
Aquamay	Ombrine																															
Aqua. Ouest	Truite Arc en Ciel					?												?														
EM Gravelines	Bar																					?										
Aquanord EMG-Icthus	Bar																															
CNSS	Saumon Svg																							?	?	?	?	?				
ELSAMER	Truite Fario																															
Blue Genetics																																
Eclos. de Guyenne	Esturgeons sibérien & gulden																															
Esturgeonnière	Esturgeon sibérien																															
DRMM (Polynésie)	Crevette bleue																															
Ferme Marine du Douhet	Bar, Daurade																															
France Turbot Icthus	Turbot																															
France Turbot	Turbot																															
	Huitre																															
Marinove	Huitre creuse																															
Mascareignes Services (SAS)	Crevette Tigre																															
FD29	Truite Fario																								?	?	?	?	?	?	?	?
FDAAPPMA 06	Truite Fario																															
France Haliotis	Ormeau																															
Génocean - Graineocean	Huitre creuse																															
Lucas-Perches	Perche																															
MIGADO	Saumon Svg																															
Pisciculture Charles Murgat	Truite Arc en Ciel, Truite Fario, Omble alpin & Omble des fontaines																															
Milin-Nevez (AB)	Truite Arc en Ciel																															
Novostrea	Huitre creuse																															
P2M (Monaco)	Bar (Loup), Daurade																															
Pisc. Font Rome	Truite Arc en Ciel																															
Pisc. Menaouen	Truite Arc en Ciel																															
Les Poissons du Soleil	Maigre, Bar (Loup)																															
Salmonidés D'Aquitaines	Truite Fario																															
	Truite Arc en Ciel																															
R&O Seafood Gastronomy (SAS)	Crevette Tigre																															
SATMAR	Huitre creuse, Palourde																															
SODABO	Huitre creuse																															
SF Conchylicole	Huitre creuse																															
Sparus																																
Vendée Naissain	Huitre creuse																															
Viviers de France	Truite Arc en Ciel																															
Viviers de Sarrance	Truite Arc en Ciel																															
Sélectionneurs		5																							12	17	17	18	18	19	20	19
Eclosoeurs - Gestionnaires de Population		1																						10	5	5	4	2	2	1	1	
Nombre d'Adhérents (Actifs)		6	9	11	16	15	12	10	11	10	11	15	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 traitements		2																							11	12	12	14	15	16	17	13
Adhérents actifs	Piscicoles Eaux Douces	6																							8	8	8	9	8	8	7	7
	Piscicoles marines	0	<i>Cessation d'activité avec reprise</i>																				5	5	6	4	4	4	4	4	4	4
	Restauration Ecologique	0	<i>Cessation d'activité sans reprise</i>																				3	2	2	2	1	1	1	1	1	1
	Ostréicoles	0	<i>Suspension</i>																				7	7	6	6	4	3	3	3	3	
	Autres	0																							0	1	1	3	3	5	5	4
		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 3 : Liste des structures adhérentes au SYSAAF et de leurs espèces d'intérêt en 2019.

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



• Palmipèdes :

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



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



• Gibiers : faisan, perdrix rouge.



• Mouche Soldat Noire



• 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 (z), 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, la mise en application effective de la mesure PRM-A au profit des collectifs gestionnaires de races locales de volaille menacées d'abandon pour l'agriculture est effective dans quelque unes des Régions ayant inscrit cette mesure dans leur PDR ; néanmoins le versement des financements tarde. Des certificats de conformité ont été établis pour une 15^{aine} de races locales par la responsable audit du SYSAAF. La mise en œuvre de la PRM-A apparaît néanmoins encore problématique dans plusieurs Régions ; mais sur le point d'aboutir dans la Région Centre, alors que d'autres comme la Bretagne et la Normandie préfèrent lui substituer des aides directes, éventuellement par méconnaissance des modalités du dispositif mis en place, a priori relativement simple à mettre en œuvre, mais qui est spécifique aux volailles. Par ailleurs, des contacts sont en cours avec des collectifs de sauvegarde et/ou des conservatoires régionaux (BioDom-Centre, CREGENE, CRAPAL, CRAN, CR des Races Bretonnes, CRRG Haut de France [ENRX], Conservatoire des races locales d'Aquitaine) qui souhaitent bénéficier d'un appui technique pour évaluer la diversité génétique des populations de différentes races et éventuellement mettre en œuvre des programmes de gestion généalogique, in-situ localement et multi-sites, éventuellement en utilisant les outils d'assignation de parenté. Initiés en 2019, plusieurs projets vont se concrétiser dès 2020.

Le nombre d'adhérents du secteur aquacole est passé de 21 à 20 après arrêt de son activité de sélection par la Pisciculture de Font-Rome, fin 2018. Par ailleurs, la DRM (Direction des Ressources Maritimes) qui bénéficie d'un appui technique du SYSAAF au nom des instances gouvernementales de la Polynésie Française, pour un appui à la sélection de populations polynésiennes de crevettes bleues a également sollicité le SYSAAF pour un audit de sa filière d'huitre perlière qui a été réalisé en 2019. Le SYSAAF apporte également un appui technique sous la forme de prestations récurrentes ou ponctuelles à quelques entreprises étrangères du secteur aquacole.

Le SYSAAF avait par ailleurs fait l'objet de demandes d'adhésion fin 2018 concernant la crevette à patte blanche [*Penaeus vannamei*] par la société Blue Genetics, filiale du Groupe Grimaud et, une 1^{ère} pour le SYSAAF, pour un insecte, la mouche soldat noire [*Hermetia illucens*] par la société InnovaFeed ; deux demandes qui ont été validées lors de l'AG 2019. Le Conseil d'Administration avait préalablement validé le principe de ces demandes et surtout le fait d'élargir le champ des espèces sur lesquelles le SYSAAF peut s'investir. Un engagement pouvant impliquer des redéploiements de compétences et de moyens financiers.

Répartition des 35 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 écloreur** : 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 écloreurs ; 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).

- 1 adhérent 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.

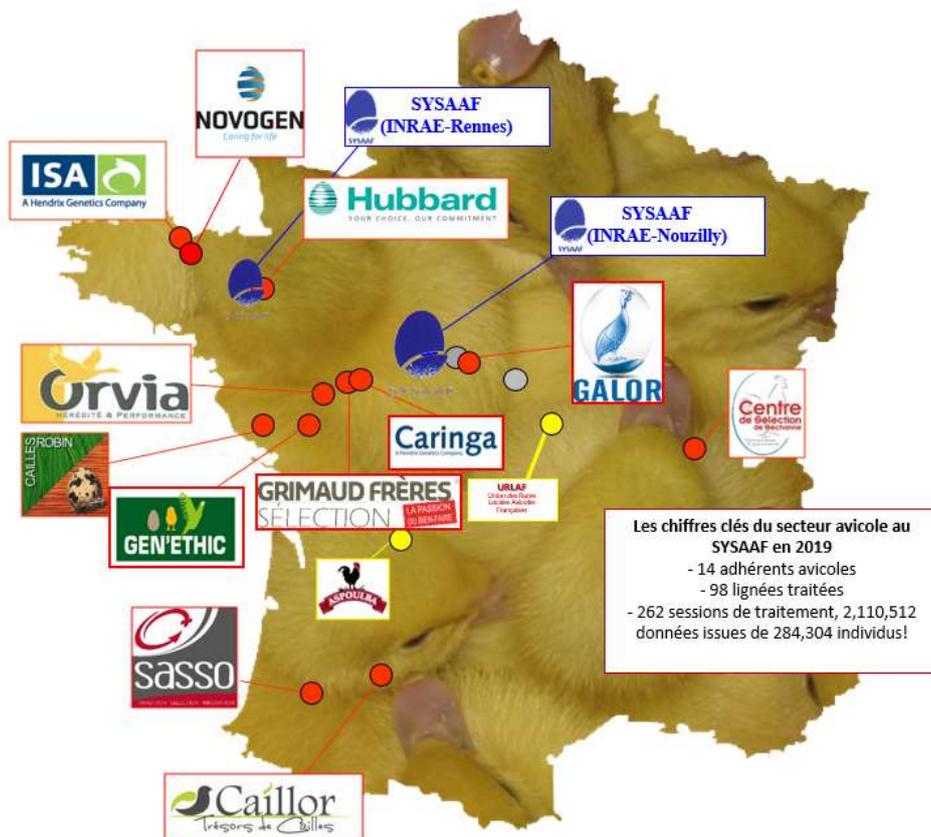


Figure 16 : Localisation (siège social) des entreprises avicoles adhérentes au SYSAAF en 2019



Figure 17 : Localisation (siège social) des entreprises aquicoles adhérentes au SYSAAF en 2019

2-6 Espèces

Le SYSAAF assure une mission d'appui technique à l'amélioration et la gestion des ressources zoogénétiques et aux biotechnologies de la reproduction dans le cadre d'une mission officielle déléguée par l'ITAVI (Arrêté du 31 juillet 2007) pour une liste restrictive d'espèces (Tableau 2). Cette délégation concerne une liste positive de 49 espèces (Tableau 2), 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 2019, ce sont des populations de 17 espèces, sur celles faisant l'objet de schéma de sélection pedigree, qui ont fait l'objet d'activités de traitement de données au SYSAAF en 2019 (9 espèces avicoles 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 8,2 pour les espèces avicoles (5 à 22). Globalement, 107 lignées ou populations (98 lignées avicoles [dont 26 de races locales] & 19 populations aquacoles) ont fait l'objet d'un suivi en 2019, dont 103 (95 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, l'indexation des candidats, le choix des reproducteurs de la génération N+1 permettant de gérer le niveau d'apparement moyen des candidats et le choix des plans d'accouplements en tenant compte de l'apparement 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, la moyenne étant de 2,8 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 **29 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 2019. Les animaux des espèces aquacoles sont normalement utilisés en lignée pure pour la production des produits commerciaux. Globalement, ce sont 29 518 nouvelles données phénotypiques issues de 12 944 nouveaux individus, qui ont fait l'objet d'enregistrement dans la base de données aquacole SYSAAF en 2019.

- **Espèces avicoles : Des données de 9 espèces avicoles** appartenant à 13 adhérents différents ont fait l'objet d'au moins un traitement en 2019. 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 2 et 51 par espèce au SYSAAF, avec une moyenne de 12,5. L'espèce *Gallus* représente environ 50% des lignées traitées au SYSAAF dont les objectifs de sélection diffèrent. Globalement, ce sont 292.615 nouveaux individus, correspondant à 2.009.775 nouvelles données phénotypiques qui ont fait l'objet d'enregistrement dans la base de données avicole SYSAAF en 2019.

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 (Cf. 3-1-1). 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.

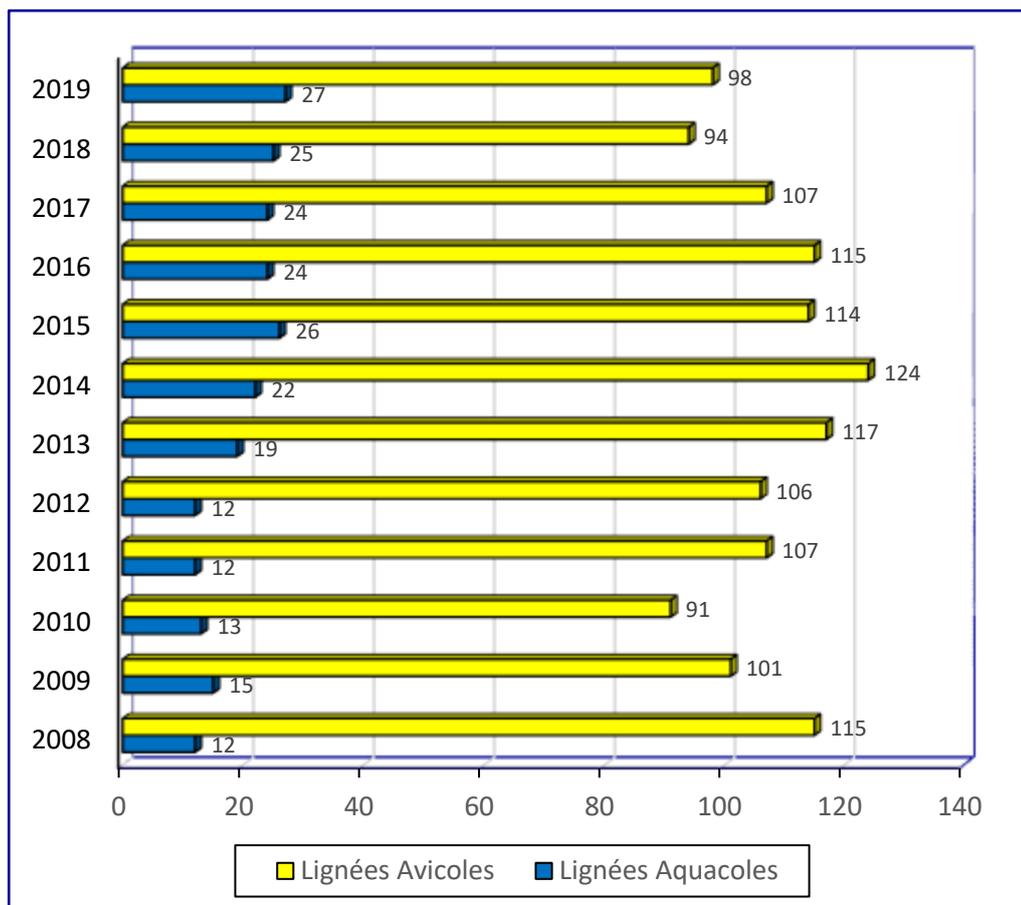


Figure 18 : Évolution du nombre de lignées aquacoles et avicoles suivies annuellement par le SYSAAF depuis 2008

- **Espèce entomocole** : L'arrivée en 2019 d'un adhérent pour une espèce d'insectes, la mouche soldat noire, représente, nous le pensons au SYSAAF, les prémices d'une diversification comme le furent celles des espèces piscicoles en 1991, puis des huîtres à partir de 2005 et dans leur sillage celui d'autres espèces conchylicoles et plus récemment les crevettes. De 1^{ers} travaux de R&D ont d'ores et déjà été conduits, prélude à la mise en place expérimentale de programmes de sélection.

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 réglementaires 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 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 des programmes de recherche. Concrètement, les ingénieurs du SYSAAF, au nombre de 15 fin 2019 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 2019, 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 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 et 2019 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. Parallèlement, une ingénieure embauchée en CDI par le SYSAAF est mise à disposition de l'ANSES pour coordonner la réalisation d'expérimentations de phénotypage pour la résistance à des pathogènes chez les espèces piscicoles. Ces expérimentations sont réalisées sur la plateforme expérimentale Fortior-Genetics, basée au sein de l'Unité de Pathologie Virale des Poissons de l'ANSES sur le site de Plouzané. 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 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. Une demande pour un 5^{ème} financement de thèse CIFRE auprès de l'ANRT est en cours de montage sur une thématique concernant les biotechnologies de la reproduction chez les espèces avicoles.

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 2019, sachant que 4 supplémentaires ont été soumis et 3 acceptés en 2018.

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 depuis 2019, la plateforme de spectrométrie SpecGen au sein de l'unité CNRS SIR-ScanMat sur l'Université de Rennes 1. Un ingénieur a également été mis à disposition de cette plateforme 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 SNP GC 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),
- 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 2019 sont plus que jamais diverses puisque leur réalisation s'inscrit dans près d'une 40aine de programmes qui sont présentés dans le présent document selon 3 axes (Axes 1, 2A et B, et 3) correspondant respectivement aux objectifs opérationnels 3, 4 et 5, surlignés en gras dans 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 2).

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

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

La première mission du SYSAAF est d'offrir un appui technique pour la sécurisation et la gestion de la diversité génétique, ainsi que la sélection génétique des lignées ou races, au sein des filières avicoles, relevant des 2 thématiques et correspondant aux objectifs 1 et 2, 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 génotypes 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 19 : 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 2019, ce sont 13 entreprises avicoles et 5 aquacoles qui ont fait appel à ce service, pour un total de 106 lignées (98 avicoles [Dont 27 de races locales et plus de 50% d'espèces Gallus], 8 aquacoles) de 12 espèces différentes. La périodicité à laquelle les traitements de données pour une lignée donnée sont réalisés dépend du cycle biologique de l'espèce et du rythme de sélection mis en place par le sélectionneur concerné. Dans le secteur avicole, l'intervalle de génération est de 6 mois pour la caille, à 24 mois pour l'oie, le rythme de renouvellement étant le plus souvent annuel. Il est très variable pour les espèces aquacoles, généralement compris entre 2 à 7 ans, mais seulement de 9 à 12 mois chez les crevettes. En raison du nombre de lignées et de l'obligation de faire des tris associés à des choix successifs, des analyses de données sont donc réalisées en continu et ce sont plus de 280 sessions de traitements qui ont été réalisées en 2019. Dans le secteur avicole, les 98 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 près de 40%, alors que la catégorie C-D représente 30%. Une tendance qui s'accroît progressivement et qui illustre la complexification du besoin d'expertise sollicitée 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 2,7 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 8 lignées en sélection généalogique avec utilisation du BLUP ou le GBLUP en sélection génomique pour 2 d'entre elles. D'autres lignées ont fait l'objet de choix pour une gestion massale intrafamiliale assistée par assignation de parenté (5) et d'autres sont gérées en sélection massale. Des choix selon des critères spécifiques de reproducteurs destinés à la multiplication, nécessitant la réalisation de sessions de traitements complémentaires complexes, sont également réalisés pour certains adhérents d'espèces aquacoles, 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 27 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 aquacoles

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 aquacole 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. A cette fin, le SYSAAF dispose d'équipements de cryogénération adaptés (Figure 20) pour mener à bien sa mission de sécurisation de la diversité génétique.



Figure 20 : Equipements de cryogénération du SYSAAF destiné à la constitution des stocks de la collection aviaire de la cryobanque nationale

Par ailleurs, une partie des paillettes précédemment stockées de la lignée expérimentale R+ (lignée INRA sélectionnée pour sa forte consommation alimentaire résiduelle, mais peu fertile) avaient été utilisées pour pallier à la perte de diversité génétique de cette population, le SYSAAF a été sollicité pour reconstituer le stock de paillettes disponibles en cryobanque. Une partie du stock avait été renouvelé au cours du 2nd semestre 2018 et celui-ci a été complété au second semestre 2019.

Il est par ailleurs nécessaire de qualifier expérimentalement la qualité des semences avant cryopréservation et sa fécondance après décongélation pour vérifier que la procédure est efficace. Dans ce contexte, des tests expérimentaux de fertilité avec de la semence congelée/décongelée inséminée à 200 ou 400 millions de spermatozoïdes/ml ont été réalisés en utilisant le glycérol comme cryoprotecteur. Les taux moyens de fertilité après deux inséminations restent faibles 20%, mais peuvent être supérieurs à 60% après 3 inséminations et plus. Par ailleurs, des tests de fertilité sont actuellement en cours avec le diméthyle formamide (DMF), un cryoprotecteur ne nécessitant pas d'être retiré à la décongélation. Cette technique pourrait être utilisée sur le terrain et ainsi permettrait de mieux répondre aux attentes de nos adhérents. Les tests sont en cours de réalisation et vont se poursuivre en 2020.

Concernant les espèces aquacoles, le SYSAAF continue de coordonner la congélation de paillettes de semences d'espèces aquacoles pour la Cryobanque Nationale. Ces congélations ont été assurées par un prestataire (Groupe Evolution), dans le cadre de la convention de partenariat "CryoAqua" impliquant, outre le groupe Evolution et le SYSAAF, l'Ifremer, l'INRAE, et le GIS Cryobanque Nationale

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. La mission 1ère du SYSAAF est de leur 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. Seules les développements de méthodes de phénotypages initiés, en cours de réalisation ou validés en 2019 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 et concerne les méthodes de mesures des caractères de ponte chez la truite (système VisEgg), de prédiction des rendements de parage par vision numérique sur darne chez la truite (système VisDarne), de l'aptitude à la résistance génétique à divers pathogènes chez les poissons dans le cadre de la plateforme Fortior Genetics et divers projets (PerformFish) ou chez les mollusques (Resipal, Vivaldi), de caractérisation de la morphométrie externe chez l'huître creuse et la palourde (Vivaldi), de prédiction du sexe *in-vivo* par ultrasons chez la perche (Sex'N'Perch), de la composition en acides gras omega-3 de la chair de truite par spectrométrie vibrationnelle de type Raman (OmegaTruite), ou enfin pour estimer la faisabilité de la mesure de l'efficacité alimentaire individuelle chez la daurade (PerformFish).

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), la caractérisation des mécanismes de reproduction chez la mouche soldat noire ou la mise au point d'un automate circulaire de pesée, permettant de caractériser le comportement alimentaire individuel de volailles élevés collectivement et de quantifier en continu la consommation alimentaire et le poids vifs en vue de caractériser la variabilité génétique de ces nouveaux critères de sélection (Eva-HD). Enfin, 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.

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

A - Phénotypage de caractères qualitatifs chez les invertébrés marins

La sélection des invertébrés marins a initialement porté sur l'amélioration de la résistance à une maladie virale chez l'huître creuse, l'herpès virus (OHsV1) et celle de la croissance chez les crevettes ; caractères qui restent d'actualité. Après cette première phase, l'intérêt se porte maintenant sur de nouveaux caractères, par exemple ceux concernant la maîtrise de la qualité des produits mis sur le marché. Cette qualité recouvre des aspects de la morphologie externe et interne comme la forme, la couleur, l'aspect, mais également de la composition biochimique. D'autres critères de qualité combinent des informations externes et internes comme des ratios de parts relatives des organes ou des parties calcifiées, comme les rendements en chair ou en poids sec. Elle recouvre aussi les aspects de qualité du produit transformé ou cuit, comme par exemple la couleur après cuisson pour les crevettes. La mesure de certains caractères étant létale, des prédicteurs de ces caractères peuvent permettre d'estimer indirectement les caractères à l'aide de mesures non létale mettant en œuvre la vision numérique, l'IRM, le NIR ou les ultrasons. Afin de faciliter la prise de mesure sur un grand nombre de candidats ou de collatéraux, le SYSAAF a initié le développement et/ou l'adaptation de méthodes de phénotypage haut-débit mettant en œuvre ces nouvelles technologies, chez les invertébrés marins

a - Phénotypage de la teneur en glycogène de la chair chez l'huître creuse par NIR

Le projet Européen Vivaldi a pour objectif d'estimer les paramètres génétiques des caractères de résistance à l'herpès virus OHsV1 et des caractères de production chez l'huître creuse. Ce projet est conduit en parallèle du projet QualityHuître soutenu par le FEAMP (Appel à projet 2018) dont l'objectif est d'estimer la faisabilité d'une sélection génomique pour des caractères qualitatifs en utilisant la 1ère puce génomique développée pour cette espèce.

Le phénotypage qualitatif des animaux a été réalisé dans QualityHuître. Il combine 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 glycogènes. En 2019, des travaux ont été conduits dans le cadre du projet Quality-Huître pour tester la possibilité de prédire divers caractères qualitatifs chez l'huître par IRM (taux de chair, sexe) ou par spectrométrie dans le proche infra-rouge (NIR).

Un premier travail réalisé dans le cadre du stage de Justine Lançon (Master 1 Analyse & Contrôle - Université Claude Bernard Lyon 1) a visé à étudier en partenariat avec la plateforme SIR-ScanMat de l'Université de Rennes 1), les protocoles d'échantillonnage pour mesure du taux de glycogène par colorimétrie et par mesures spectrales afin de réaliser les premiers essais de calculs d'équation de calibration par méthode chimiométrique. Des huîtres creuses de différentes origines géographiques (Cancale, Vendée et Fine de Claire de Cancale) et de différents poids de chair (5,5 à 17,57 g) ont été collectées et conservées à -80°C ou -20°C avant décongélation et homogénéisation par broyage. La quantification du glycogène a été réalisée grâce à un kit enzymatique par colorimétrie à la longueur d'onde de 570 nm. Les spectres NIR ont été acquis de 10 000 et 4 000 cm⁻¹ avec une résolution de 8 cm⁻¹ et 32 balayages (Spectrum TwoNTM, Perkin Elmer) en mode réflexion ou transmission. Tous les échantillons ont également été analysés par spectroscopie Raman (LabRAM HR800 – société Horiba Scientific, Jobin-Yvon) avec une source excitatrice à 532 nm et en MIR à l'aide d'un spectrophotomètre infrarouge à transformation de Fourier (Diafir SPIDTM FT-IR spectrometer) couplé à un capteur à fibre optique en verre de chalcogénure. Seuls les résultats concernant la mise en place des mesures avec le NIR sont présentés dans ce rapport. Une équation de calibration avec une excellente corrélation a pu être établie entre les teneurs en glycogène et les valeurs en NIR.

Les spectres NIR d'homogénats d'huîtres acquis en mode réflexion correspondent à la moyenne de trois mesures et sont représentés en absorbance dans les figures ci-dessous (Figures 21 et 22).

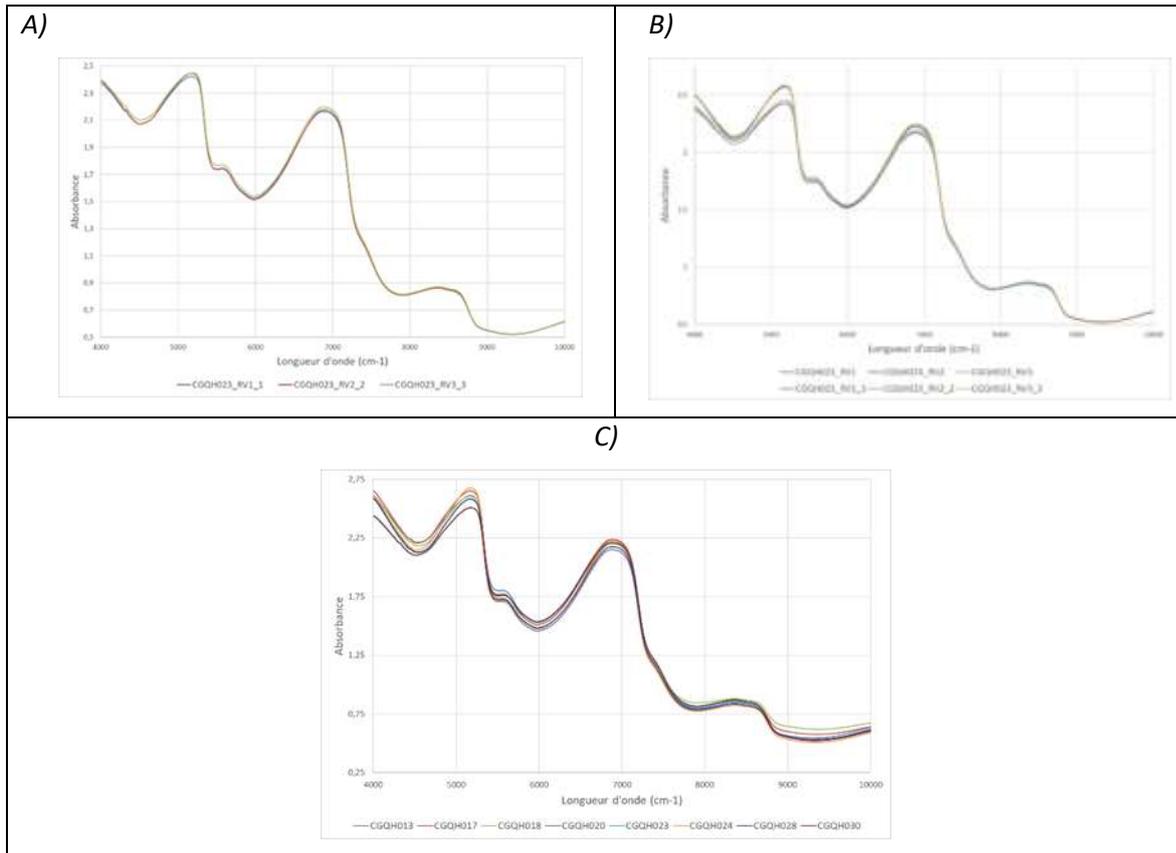


Figure 21 : Spectres NIR enregistrés avec le mode réflexion entre 4 000 et 10 000 cm^{-1} avec une résolution de 8 cm^{-1} et 32 balayages (Spectrum TwoNTM, Perkin Elmer). A) Une huître de Vendée (CGQH023) est mesurée en triplicata physique afin de voir la répétabilité intra-échantillon. B) Une huître de Vendée (CGQH023) est mesurée en réplica biologique afin de voir la répétabilité intra-échantillon. C) Plusieurs huîtres d'origines différentes : Cancale (CGQH013, CGQH017, CGQH018 et CGQH020) ; Vendée (CGQH023 et CGQH024) ; Fine de Claire de Cancale (CGQH028 et CGQH030). Chaque spectre correspond à la moyenne de trois mesures. La variabilité inter-échantillon est représentée sur ce graphique. Il s'agit d'un paramètre important qui permet de créer un modèle chimiométrique.

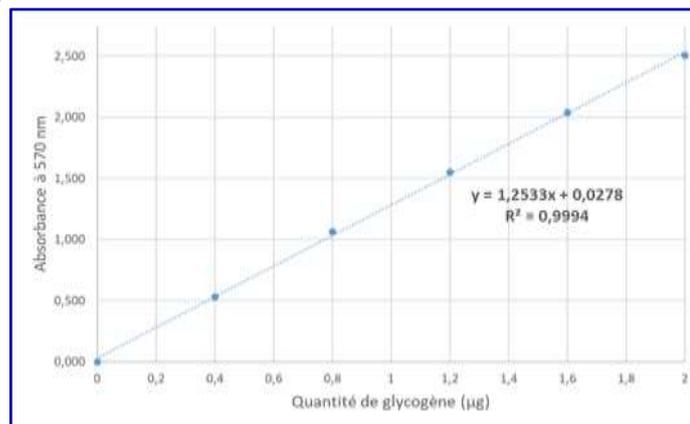


Figure 22 : Droite des standards de glycogène obtenue par colorimétrie à 570 nm avec une résolution de 1 nm (FLUOstar Omega - BMG Labtech).

b - 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 a ensuite été réalisé au sein de l'entreprise de sélection en collaboration avec des chercheurs d'Ifrémer. 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°.

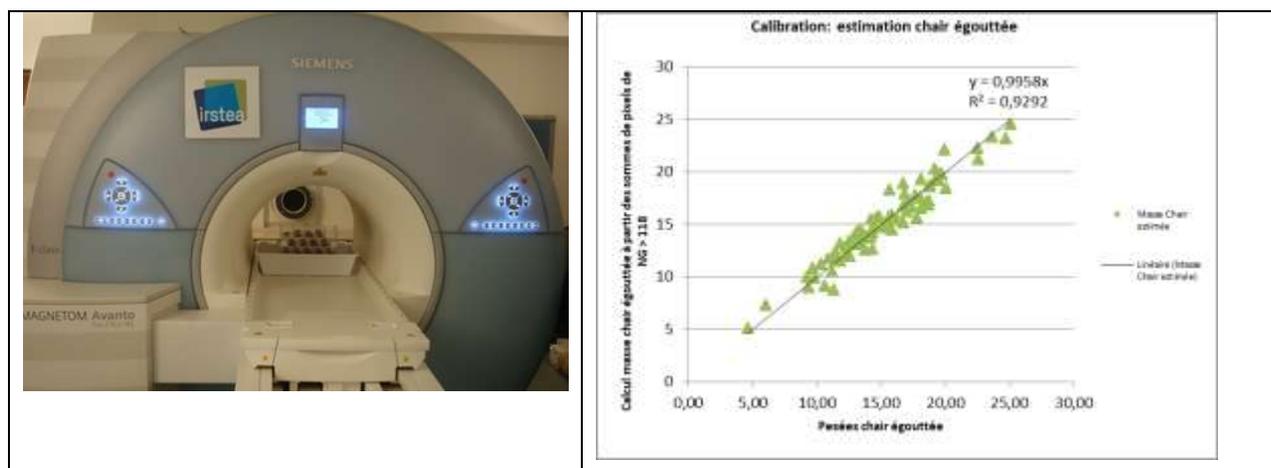


Figure 23 : Appareil d'IRM utilisé à l'IRSTEA et corrélation phénotypique entre le poids de chair égoutté et sa prédiction en IRM.

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 égouttée est prédite avec un coefficient R² de 0.93 avec une erreur-type de 1,02 g pour une masse moyenne de chair égouttée du lot est de 15,26g.

c - Phénotypage de performances de morphologie et rendement en chair chez l'huître

Une estimation de paramètres génétique a été réalisée en 2019 sur des données collectées lors du chantier d'abattage réalisé à Vendée Naissain en 2018. Ces estimations ne prennent pas en compte les prédictions de rendement en volume de chair par IRM ni de teneur en glycogènes par NIR qui seront réalisées en 2020 et 2021 dans le cadre de la thèse CIFRE d'Antoine Jourdan (indexation génomique).

Pour rappel, de l'ordre de 650 familles ont été créées en avril 2016 à partir de 7 croisements factoriels de 65 ♂ et 70 ♀. Les familles ont été élevées en duplicata sur 2 sites (Baie de Bourgneuf et en Normandie). Les taux de mortalités par site sont respectivement des 50,4 % et de 43,2%. Les animaux ont été mesurés en Novembre 2018 pour le lot élevé en novembre Baie de Bourgneuf et en Avril 2019 pour le lot élevé en Normandie. Les caractéristiques suivantes ont été mesurées : poids, longueur, rendement en chair. Les taux d'assignation de parenté utilisables estimés par rapport aux nombres d'échantillons initiaux réalisés par puces SNP ont été de 87,5 (n = 1367) et 88,2 % (n = 1253) sachant que respectivement 46 et 13 échantillons n'étaient pas exploitables et qu'un et 7 échantillons n'ont pu être assignés. Une fois ces échantillons écartés, les taux d'assignation de parenté sont de 99,6 et 98,9%. Des descendants de 63 des 65 pères et de 68 des 70 pères ont été identifiés en Baie de Bourgneuf et en Normandie. Des descendants de 64 des 65 mères et de 69 des 70 mères ont aussi été identifiés dans ces deux sites.

Les héritabilités des caractères estimées dans les deux sites avec un modèle multicaractère, et leurs corrélations génétiques inter-sites, sont données ci-dessous. Les héritabilités sont globalement limitées. Les corrélations génétiques sont élevées (0,64-0,88) et montrent un niveau d'interaction entre génotype et environnement limité.

Tableau 6 : Héritabilités des caractères mesurés lors des chantiers de découpe

	h ² Baie de Bourgneuf	h ² Normandie	Corrélations génétiques
Poids total	0.15 [0.04]	0.17 [0.04]	0.86 [0.22]
Longueur	0.24 [0.05]	0.25 [0.05]	0.80 [0.12]
Largeur	0.09 [0.03]	0.14 [0.04]	-
Hauteur	0.24 [0.05]	0.18 [0.05]	0.83 [0.14]
Hauteur/Longueur	0.28 [0.06]	0.19 [0.05]	0.64 [0.16]
Poids de chair	0.13 [0.04]	0.19 [0.05]	0.85 [0.17]
Poids de coquilles	0.15 [0.04]	0.17 [0.05]	0.79 [0.19]
Rendement en chair	0.15 [0.05]	0.16 [0.05]	0.88 [0.21]

Les corrélations génétiques entre caractères sont détaillées ci-dessous. Elles sont élevées entre caractères de poids et/ou de longueurs et limités entre le rendement en chair et les autres caractères. La mortalité importante à l'herpès virus (> 50 %) a pu limiter ou biaiser les estimations de paramètres génétiques, dont les caractères de croissance. L'influence de ce facteur ne peut cependant être dissociée des pratiques d'élevage pouvant avoir limité l'expression des différences de croissance en poids de façon plus importante que pour la croissance en hauteur et en longueur qui présentent des héritabilités doubles de celles du poids ou de la largeur. Ces estimations de paramètres génétiques seront intégrées à l'étude des prédictions de rendement en chair par IRM et de teneur en glycogène par NIR qui seront réalisés en 2020 et 2021.

Tableau 7: Corrélations génétiques entre caractère selon un modèle multicaractère

	Length	Width	Height	Height Length	/ Meat weight	Shell weight	Yield
Total weight	0.86 [0.05]	0.80 [0.07]	0.88 [0.04]	0.07 [0.16]	0.91 [0.03]	0.98 [0.01]	0.25 [0.16]
Length		0.61 [0.11]	0.57 [0.10]	-0.43 [0.12]	0.82 [0.06]	0.86 [0.05]	0.32 [0.14]
Width			0.60 [0.11]	0.02 [0.17]	0.71 [0.09]	0.77 [0.08]	-0.12 [0.18]
Height				0.50 [0.12]	0.79 [0.07]	0.86 [0.05]	0.19 [0.15]
Height Length /					0.01 [0.16]	0.03 [0.16]	-0.12 [0.16]
Meat weight						0.86 [0.05]	0.62 [0.11]
Shell weight							0.15 [0.17]

d - Phénotypage de performances qualitatives et de résistance à deux pathologies chez la palourde européenne

L'acquisition des bases génétiques à la domestication et la mise en œuvre de programmes de sélection de la palourde européenne a été initiée dans le cadre du projet européen H2020 VIVALDI et du projet RESIPAL soutenu par le Fond Européen pour l'Aquaculture et la pêche (FEAMP) à l'appel à projet 2018.

Pour rappel, les actions suivantes avaient été rapportées dans le CR CIR 2018 :

- Une cohorte de 1479 familles a été produite en massale à partir de la ponte de 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 ont été envoyés en élevage : 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.

Les taux d'assignation avec le panel de marqueurs SNP développé dans VIVALDI sont respectivement de 54 et 61 % dans les sites de Chioggia et de Marennes d'Oléron. Les effectifs efficaces (N_e estimés) sont supérieurs à 85 en prenant en compte l'apparentement et de 38 sans prendre en compte l'apparentement.

Tableau 8 : Effectifs de descendants assignés par père, par mère par famille et effectifs efficaces estimés en prenant en compte l'apparentement ou sans prendre en compte l'apparentement.

	Chioggia	Marenes
<i>Assigned offspring</i>	246	604
<i>Expected sires</i>	56	56
<i>Expected dams</i>	53	53
<i>Expected families</i>	1479	1479
<i>Observed sires</i>	42	49
<i>Observed dams</i>	45	44
<i>Observed families</i>	163	283
<i>Expected N_e</i>	108.9	108.9
<i>Observed N_e</i>	86.9	92.7
<i>Observed N_e with offspring variance</i>	39.0	38.7

Ce résultat montre que la ponte en masse d'un nombre conséquent de parent (56 père et 53 mères) a généré la production au minimum de l'ordre de 283 familles avec une perte limitée et acceptable de variabilité, même sans utilisation de l'assignation de parenté si au minimum 3 cohortes sont générées par génération.

Les héritabilités sont moyennes dans le lot élevé à Marenes 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.

Tableau 9 : Héritabilités des différents caractères.

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

e - Phénotypage de performances de production et qualitatives chez l'orveau Européen

La domestication de l'orveau européen a été initiée par l'entreprise France-Haliotis (Plougerneau). Le projet GenOrveau soutenu par le FEAMP (Appel à projet 2017) avait, entre autres, pour objectif d'estimer les paramètres génétiques de la croissance et de caractères qualitatifs chez l'orveau.

Tableau 10 : Héritabilités des principaux caractères de croissance, de morphologie, de rendement en chair égouttée, de couleurs du pied et de sexe-ratio

Traits	n	cv	h ²
Length at 14.5 months (mm)	900	0.17	0.13±0.07
Length at 25 months (mm)	1600	0.20	0.23±0.07*
Length at 32 months (mm)	580	0.14	0.37±0.11*
Length at 42 months (mm)	325	0.11	0.49±0.16*
Weight at 25 months (mm)	900	0.56	0.25±0.09*
Weight at 32 months (g)	580	0.46	0.42±0.11*
Weight at 42 months (g)	325	0.27	0.53±0.17*
Bled meat weight (g)	580	0.48	0.42±0.12*
Bled meat yield (%)	580	0.09	0.36±0.11*
Gonad weight 32 m (g)	580	0.78	0.16±0.07*
Gonad yield (%)	580	0.45	0.09±0.06
Shell weight (g)	580	0.43	0.43±0.12*
Digestive gland weight (g)	580	0.51	0.29±0.10*
Haemolymph weight (g)	580	0.82	0.15±0.08
Shell color (a*)	580	1.01	0.71±0.14*
Foot color (b*)	580	0.32	0.31±0.10*
Patterns on the shell (score)	580	0.43	0.56±0.13*
Phagocytosis efficiency (%)	676	0.48	0.15±0.08
Righting latency (min)	621	1.33	0.10±0.07
Total movement duration over night (h)	621	0.77	0.08±0.07
Total feeding duration over night (h)	621	0.91	0.13±0.07
Sex ratio (s+d)	1183	0.40	0.25±0.11*

Pour rappel, nous avons rapporté l'organisation du chantier de phénotypage de 945 individus issus d'une cohorte produite à partir du croisement factoriel complet de 24 pères et 16 mères dans le rapport 2018. Différentes caractéristiques morphométriques ont été quantifiées (poids, longueurs, hauteurs) entre 12 et 42 mois, ainsi que différentes mesures réalisées par ultrasons. Comme pour les autres espèces, des échantillons de tissus ont été collectés individuellement pour extraire de l'ADN pour permettre d'assigner les parentés après génotypage. A cette fin, un panel d'assignation avec marqueurs SNP avait été développé dans le cadre de ce programme (Harney et al., 2017).

Les estimations de paramètres génétiques réalisées en 2019 sur les caractères de qualité à partir des données collectées en 2018 sont présentées dans le tableau 10. Les héritabilités des principaux caractères sont rapportées dans le tableau suivant (Tableau 11).

Tableau 11 : Héritabilité de prédictors de la qualité et corrélations génétiques avec les caractères à prédire.

Predictor variable names	n	h ² of the predictor	Traits related with the predictor	Phenotypic correlations	Genetic correlation estimates
Shell color score	566	0.60±0.14*	Shell colour a*	0.6	0.90±0.06*
Foot color score	566	0.25±0.07*	Foot colour b*	0.84	0.98±0.02*
Total surface'	560	0.27±0.1*	NA	NA	NA
Foot surface'	560	0.29±0.1*	Foot weight	0.87	0.90±0.10*
Ratio of foot surface on the total surface'	560	0.21±0.09*	Bled Meat Yield (i.e residual of the foot weight on the total weight)	0.58	0.93±0.27*
Visual gonad index	566	0.40±0.1*	Gonad Yield	0.61	0.92±0.08*

Les héritabilités de la longueur et du poids augmentent avec l'âge. Les héritabilités du rendement en chair comme celle de la couleur du pied sont intermédiaires. L'héritabilité de différents prédicteurs de qualité a été estimée ainsi que les corrélations phénotypiques et génétiques avec les caractères à prédire.

En conclusion, ces résultats montrent qu'il est possible de sélectionner par mesure indirecte sur candidat vivant la couleur du pied ou de la coquille par estimation à l'œil, mais aussi le rendement en pied ou le ratio gonado-somatique prédits par ultra-sons. Ces travaux ouvrent la voie à une rationalisation du choix des animaux avec des possibilités de prédiction sur animaux vivants ou de suivi de maturation gonadique.

3-2-3 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).

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)

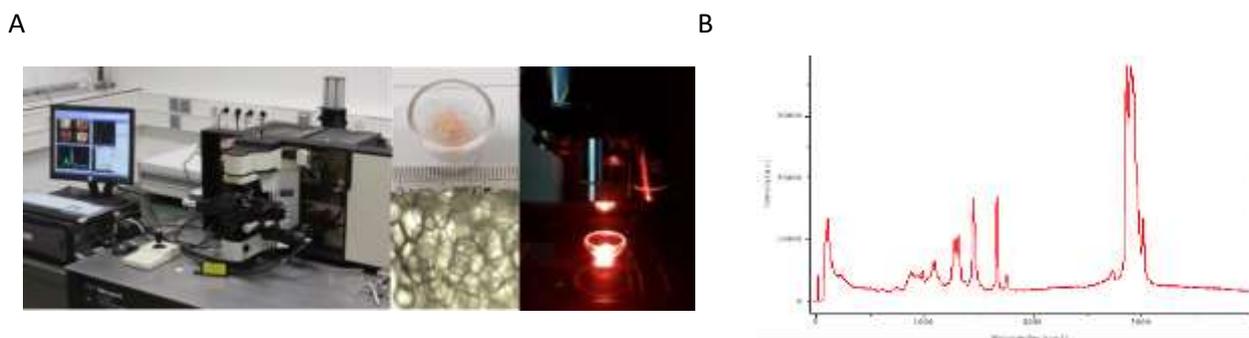


Figure 24: A) Raman HR 800 (Horiba scientifique) à laser LED 785 équipé d'un détecteur CCD refroidi à -40°C et contrôlé par le logiciel LabSpec6 (Plateforme SIR-ScanMat, CNRS-U. de Rennes 1) en saisie de spectre sur du gras de truite.

B) Spectre de diffusion Raman sur du gras de truite.

Suite aux travaux conduits en 2018 et 2019, une calibration a été retenue avec les caractéristiques de prédiction (R²) suivantes.

Tableau 12

Nom AG	R2_c2c	Correlation contrôlé
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	Nom AG	R2_c2c	Correlation contrôlé
Acide oléique	C18_1_n9c		
Acide linoléique LA	C18_2_n6c	0,84	0,97
Alpha-linolénique ALA	C18_3_n3	0,82	0,88
Gamma-linolénique GLA	C18_3_n6	0,48	0,71
Moroclique	C18_4_n3	0,004	0,50
Homolinoléique	C20_2_n6c	0,03	-0,22
	C20_3_n3c	0,21	0,25
Dihomo-gamma-linolénique DGLA	C20_3_n6c	0,0003	0,30
Arachidonique ARA	C20_4_n6c	0,61	0,39
Eicosapentaénoïque EPA	C20_5_n3c	0,76	0,89
Docosapentaénoïque DPA	C22_5_n3c	0,33	0,71
Docosahexaénoïque DHA	C22_6_n3c	0,81	0,90

Nom AG	RZ_c2c	Correlation contrôlé
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

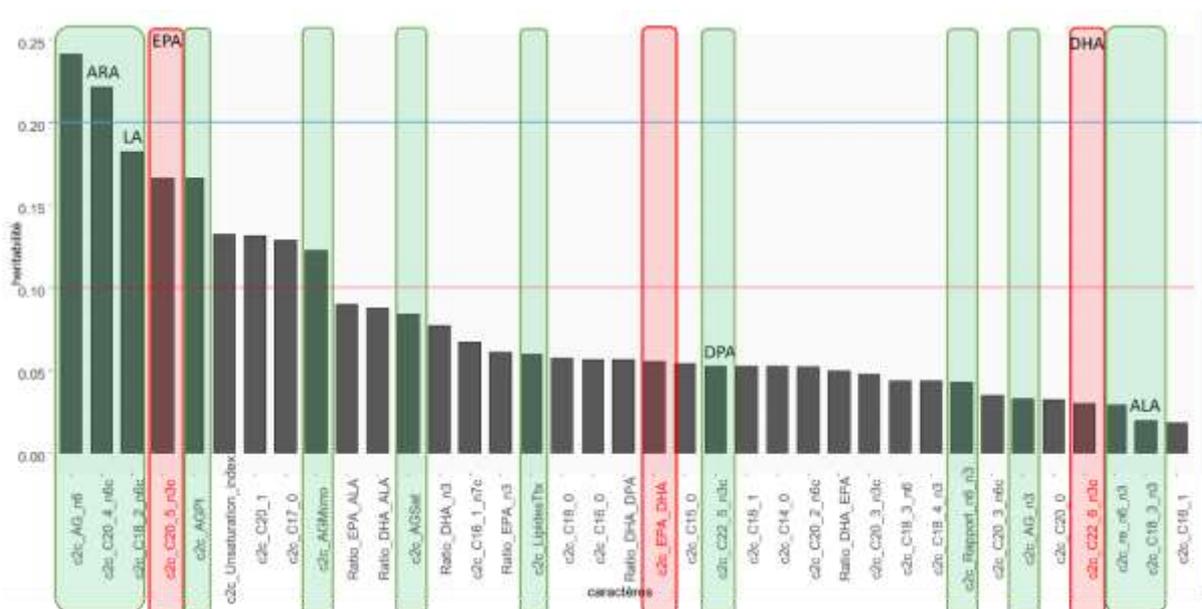


Figure 25 : Héritabilités estimées des teneurs en acides gras prédits par spectrométrie Raman.

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. La plupart des acides gras présentent des héritabilités de valeurs limitées mais non nulles. 9 acides gras présentent des héritabilités supérieures à 0,10 (Figure 25).

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, EPA+ DHA ou l'acide linoléique (Figure 26).

Le traitement des données sera réalisé en 2020 en incluant aussi les estimations indirectes de rendements de découpe et de teneurs en lipides des darnes estimées par IRM en partenariat avec l'INRAE, ainsi que la couleur des darnes et le rendement au parage estimés par vision numérique.

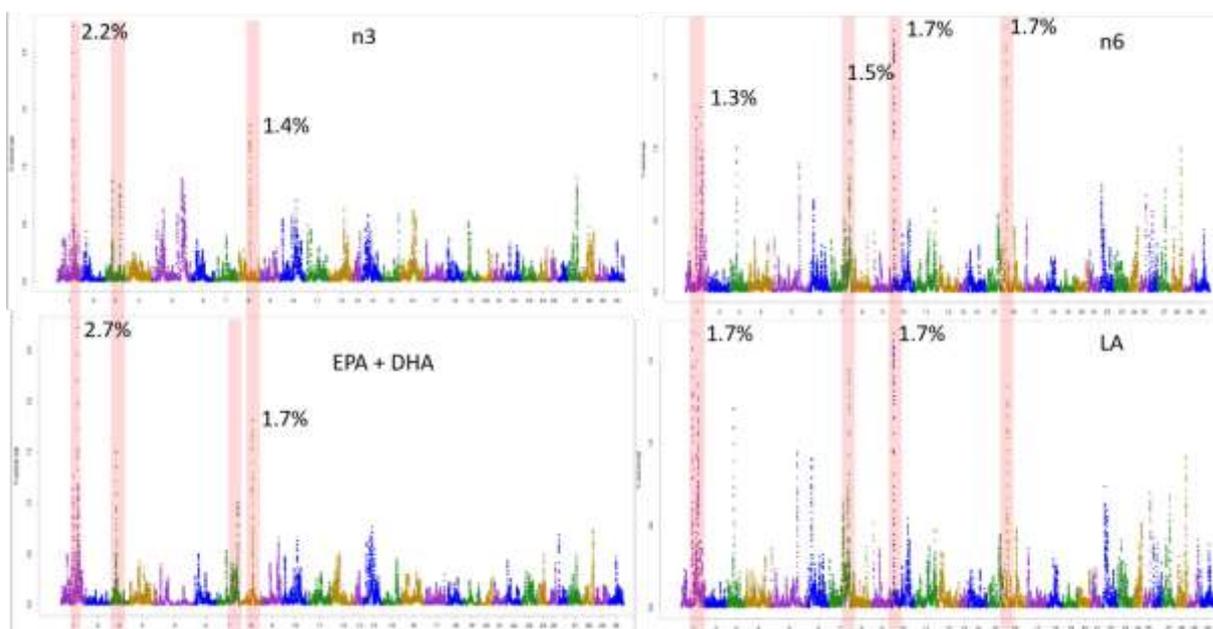


Figure 26 : Manhattan plot des 4 caractères d'acides gras en fonction des groupes de liaisons avec la part de la variance additive expliquées par les zones de marqueurs présentant une probabilité d'association significative.

3-2-4 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.

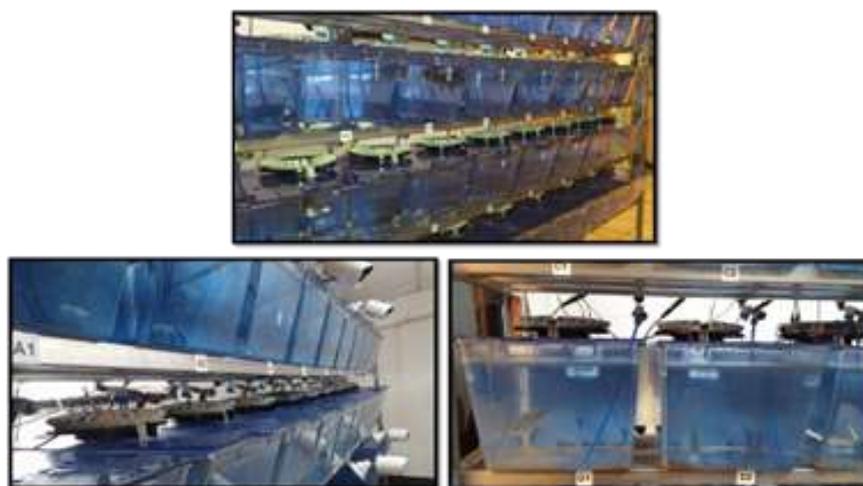


Figure 27: Batterie d'aquariums individuels

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 27). 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 ».

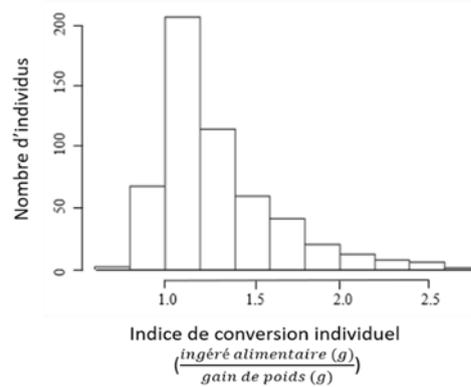


Figure 28: Indice de conversion mesuré sur les 566 daurades.

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 28) 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 Ichthus (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 29). Si ces résultats se confirment, ils permettraient de sélectionner des poissons plus efficaces et plus robustes face aux changements environnementaux.

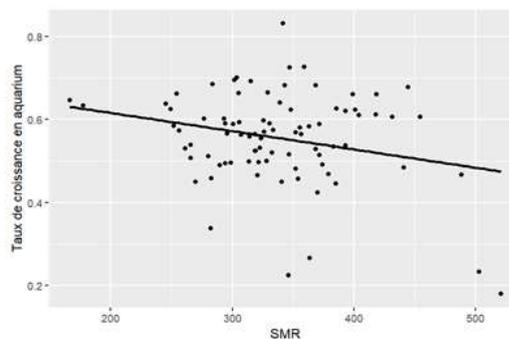


Figure 29: Taux de croissance en aquarium en fonction du métabolique basal (mg O₂ / kg de poisson) pour 86 bars.

3-2-5 Phénotypage de caractères de résistance aux pathologies chez les espèces aquacoles

Les espèces aquacoles sont majoritairement élevées en milieu ouvert et soumises aux nombreux pathogènes présents dans le milieu naturel. Pour pouvoir sélectionner des individus sur leur résistance à un pathogène donné, il faut le soumettre à la maladie, ce qui n'est pas autorisé en pisciculture et ne peut se faire qu'au sein d'une installation agréée. Pour les espèces aquacoles, il est en effet possible de réaliser des challenges contrôlés à des pathogènes spécifiques en milieu confiné pour un nombre important d'individus (jusqu'à 2 000 par génération ou cohorte) ; stratégie qu'il est malheureusement impossible d'envisager chez les espèces domestiques terrestres, y compris chez les volailles. Grâce à cette spécificité des espèces aquacoles, il est possible de sélectionner des sujets plus résistants à divers pathogènes dans le but d'améliorer la rentabilité des élevages en réduisant les mortalités et en améliorant indirectement la

croissance des animaux. La sélection de sujets plus résistants peut également fortement contribuer à limiter le recours à l'antibiothérapie, générateur de phénomènes d'antibiorésistances potentiellement problématiques pour l'Homme, et conforter en cela la démarche mise en œuvre dans les plans éco-antibio successifs dans les élevages de production. Enfin, elle devrait aussi permettre d'améliorer l'efficacité écologique de la production par une meilleure valorisation des intrants, en particulier l'aliment, principal facteur d'impact écologique.

Afin de répondre aux normes d'éthiques et de bien-être animal, le SYSAAF a initié une démarche collective avec l'ANSES pour réaliser ces challenges au sein des installations agréées de l'unité Pathologie Virale des Poissons du laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, basée à Plouzané (29 - Figure 0). Un accord cadre a été conclu en 2017 entre les deux entités pour mettre en place la plate-forme d'infectiologie expérimentale FORTIOR Genetics, dédiée à la sélection génétique des espèces piscicoles, et une ingénieure du SYSAAF y est mise à disposition. Elle est en charge de la gestion de cette plate-forme, de la réalisation des challenges infectieux et également de l'animation du consortium créé entre le SYSAAF et ses adhérents utilisateurs par la signature d'accords garantissant son bon fonctionnement. Habilitée à l'expérimentation animale (niveau 1), elle se forme régulièrement, participe au processus de maintien des compétences à l'expérimentation animale mis en place au sein de l'unité PVP et forme les nouvelles recrues aux challenges via un tutorat. Elle est également amenée à participer à des colloques et congrès (Animal Genetic and Diseases, Wellcome Genome Campus, 2019, JRFP 2019 - François et al. 2019a, EAFP 2019 – François et al. 2019b) afin de communiquer sur les activités de la plate-forme et de maintenir une veille bibliographique.



Figure 30 : Unité de challenge pathologique contrôlé en milieu confiné à l'ANSES (Agrément national pour l'expérimentation C 29-212-3)

Par ailleurs, en raison de la vétusté de certains équipements et 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. Les travaux prévus permettront également d'optimiser les installations actuelles pour garantir à l'ensemble de l'unité des installations efficaces et adaptées.

Les challenges contrôlés mis en place sur la plate-forme doivent être adaptés à chaque espèce et cibler le ou les pathogènes problématiques de l'espèce (SHV et IPN chez la truite, VNN et *Vibrio Harveyi* chez le bar, pasteurellose de la daurade, edwardsiellose chez le turbot). Ils doivent être également optimisés pour des effectifs en nombre suffisant pour permettre une évaluation génétique, c'est-à-dire de l'ordre de 1000 à 2000 individus issus du noyau de sélection par challenge. Outre le fait d'avoir des conditions d'élevage adaptées, challenger un aussi grand nombre d'individus nécessite de pouvoir produire un volume de pathogènes conséquent et suffisant pour être efficace.

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 challenge peut ainsi être une source de biais potentiel impliquant la nécessité de connaître le poids de chaque individu afin de corriger la performance par l'effet de poids. Ces paramètres constituent des inconnues comme l'héritabilité du caractère, celle du niveau de résistance spécifique de chaque cohorte testée et de la variabilité interindividuelle. Les protocoles doivent donc être adaptés à chaque test.

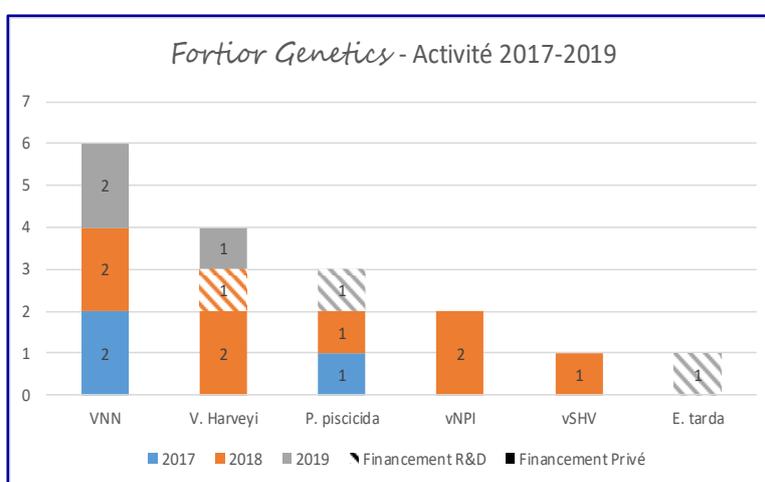


Figure 31: Nombre de challenge expérimentaux réalisés pour les différents pathogènes depuis 2017

Chaque challenge contrôlé dure de 2 à 6 semaines selon la cinétique de mortalité observée. Chaque jour, les sujets morts sont collectés. Pour chacun d'entre eux, un morceau de nageoire est prélevé et conservé dans de l'alcool étiqueté pour permettre l'extraction d'ADN et plusieurs caractéristiques sont enregistrées via le logiciel Infaqua dans les bases des entreprises concernées (Nb de jour post-contamination, poids, numéro de tube ADN, numéro de puce du sujet...). Les prélèvements d'ADN permettent une assignation de parenté par empreinte génétique et ainsi, une fois le pédigrée identifié, les héritabilités sont estimées en utilisant un modèle à seuil TM (Foulley and Manfredi, 1992).

En 2019, les challenges infectieux contrôlés réalisés sur la plateforme FORTIOR-Genetics ont concerné des espèces marines uniquement (Figure 31). Il s'agissait de quantifier la résistance au VNN et à *Vibrio Harveyi* chez le bar, à *Photobacterium subsp. Piscicida* chez la daurade et à *Edwardsiella tarda* chez le turbot. Parmi ces challenges, ceux concernant la daurade et le turbot faisaient partie des programmes de R&D (GeneSea et Turboost, respectivement). Le challenge du programme Turboost (Turbot/*E. tarda*) était une nouveauté pour la plate-forme et même au niveau mondial. Ceux concernant le bar ou la daurade avaient déjà été réalisés les précédentes années sur les générations antérieures, néanmoins leurs résultats ont pu être exploités et des héritabilités ont été estimées confirmant la possibilité de générer des gains de résistance aux diverses pathologies par sélection génétique en mettant en œuvre les dispositifs d'évaluation génétique en familles mélangées (Tableau 13). Certains travaux ont déjà donné lieu à publication ou à communication comme celles sur la résistance au VNN et à *Vibrio Harveyi* chez le bar (Doan et al., 2017; Palaikostas et al., 2018, Morvezen et al., 2018) ou à la pasteurelle chez la daurade et la possibilité de sélection génomique chez ces espèces (Aslam et al., 2017; Palaikostas et al., 2018, Bestin et al. 2019).

Tableau 13 : Héritabilité de la résistance à différents pathogènes chez les espèces challengées sur la plateforme FORTIOR Genetics.

Année	Espèce	Pathogène	Programme	Effectif	Taux de mortalité	Nb parents	h ² survie
2016	Daurade	Photobacterium subsp. piscicida	ReSist	1290	26%	27♀x 58♂	0,19±0,06
	Bar	VNN	ReSist	1212	42,8 %	13♀x 33♂	0.21±0,09
	Bar	Vibrio Harveyi	ReSist	758	37%	13♀x 33♂	0.13±0,07
	Truite	vNPI	SG-Truite	2000	41%	103♀x 99♂	0.14±0.05
	Truite	vSHV	Privé	1800	75,12%	105♀x 100♂	0.23±0,04
2017	Bar	VNN	GeneSea	1239	21.5 %	16♀x 60♂	0,12±0.01
	Bar	VNN	Privé	1350	47.5 %	15♀x 45♂	En cours
2018	Daurade	Photobacterium subsp. piscicida	Privé	1400	68.4 %	27♀x 60♂	En cours
	Truite	vNPI	Privé	2000	40%	100♀x100♂	En cours
	Bar	Vibrio Harveyi	PerformFish	2400	41.5%	15♀x 45♂	En cours
	Truite	vNPI	Privé	3000	44.9%	101♀x100♂	En cours
	Truite	vSHV	Privé	700	49.5%	101♀x100♂	En cours
	Bar	VNN	Privé	1400	36.8%	21♀x 52♂	En cours
	Bar	Vibrio Harveyi	Privé	800	90.3%	21♀x 52♂	En cours
	Bar	VNN	Privé	1200	59%	20♀x 60♂	En cours
2019	Daurade	Photobacterium subsp piscicida	Genesea	960	61.02%	60♂ x 28♀	En cours d'analyse
	Bar	VNN	Privé	1350	64.12%	58♂ x 18♀	En cours d'analyse
	Bar	VNN	Privé	1000	46%		
	Bar	Vibrio Harveyi	Privé	2x830	76 % et 93.4 %		
	Turbot	Edwardsiella tarda	TURBOOST	1220	91.2%	50♂ x 13♀	

Les observations menées au cours des différents challenges réalisés jusqu'à présent ont soulevé des questionnements quant aux mécanismes de résistance mis en place par les poissons, aux interactions entre les différentes maladies (par exemple entre la flavobactériose et la Septicémie Hémorragique Virale - SHV) et à leurs dimensions multifactorielles. Ces questionnements pourront donner lieu à de nouvelles thématiques de recherche afin de progresser sur la compréhension des mécanismes de résistance aux pathologies et l'amélioration de l'efficacité des programmes de sélection. Par ailleurs, afin de répondre aux besoins des adhérents, des discussions sont engagées pour mettre en place des challenges contrôlés sur de nouveaux pathogènes.

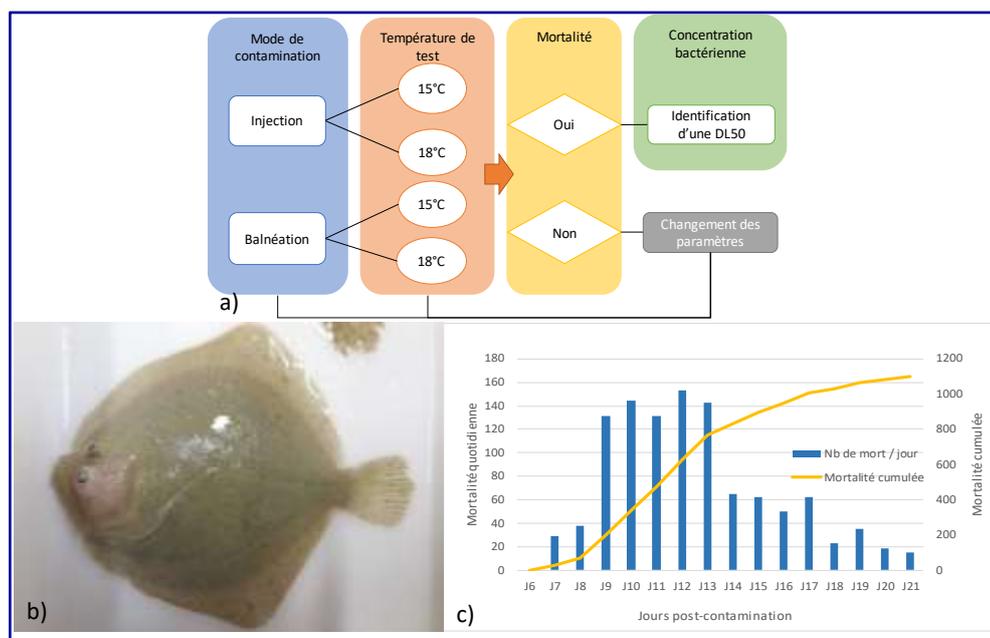


Figure 32: a) Résumé des paramètres testés lors de la mise au point du protocole de challenge. b) Illustration d'un turbot symptomatique de l'edwardsiellose. c) Exemple de cinétique de mortalité pouvant être observée lors d'un challenge turbot/*Edwardsiella tarda*.

Ce fut le cas en 2019 avec la mise au point et la réalisation d'un challenge turbot/ *edwardsiella tarda* dans le cadre du projet TURBOOST financé par le FEAMP (mesure 47) dans le but d'étudier la résistance des turbots à l'edwardsiellose, d'en estimer les paramètres génétiques et de mettre en place une démarche de sélection sur ce caractère. La tâche de la plate-forme dans ce projet était donc de développer un protocole de challenge infectieux sur ce nouveau couple hôte/pathogène qui n'avait encore jamais fait l'objet de tests en France afin de mettre en place un challenge de phénotypage par la suite. A partir de données de la bibliographie et des conseils de vétérinaires aquacoles, des essais ont été mis en place pour déterminer les paramètres de challenge. La première étape a consisté à tester différents modes de contamination et différentes températures afin de prouver la faisabilité d'un challenge par l'obtention d'une mortalité significative (Figure 32a). Suivant les résultats obtenus la deuxième étape a consisté à tester différentes concentrations du pathogène dans le but de montrer la possibilité d'obtenir un taux de mortalité compris entre 30 et 70 %. En effet c'est le taux de mortalité ciblé lors d'un challenge pour pouvoir classer efficacement les familles testées et estimer précisément les paramètres génétiques. Les essais de paramètres ayant été concluants, un challenge contrôlé de phénotypage de la résistance à l'edwardsiellose chez le turbot a été réalisé en 2019 (Figure 32b,c). Le taux de mortalité obtenu a été cependant plus élevé que ce qui était attendu, au regard des paramètres utilisés, mettant en lumière l'importance de réitérer les tests de mise au point afin d'avoir un paramétrage le plus optimal possible à chaque challenge de phénotypage. Les résultats obtenus quant à la survie des poissons ou à la cinétique de mortalité sont en cours d'exploitation.

La plate-forme FORTIOR Genetics a une fonction de support aux programmes R&D auxquels participe le SYSAAF et qui permet le phénotypage à grande échelle de caractères de résistance aux maladies. 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, GeneSea, Performfish et Aqualmpact. Certains des résultats acquis lors de ces tests expérimentaux réalisés en cours d'année, mais également les années antérieures ont fait l'objet d'analyses en 2019, ou le feront en 2020 et au cours des prochaines années. 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 pour le programme HypoTemp pour étudier de nouveaux caractères de robustesse et d'adaptation au changement climatique.

3-2-6 Phénotypage de caractères comportementaux et de l'efficacité alimentaire chez les volailles

Le coût de l'aliment représente autour de 70% des coûts de production pour les productions avicoles. De ce fait, l'efficacité alimentaire est le critère principal de rentabilité en production. Au niveau des lignées/populations en sélection, cette efficacité est un des critères de sélection les plus importants notamment dans les filières viandes. L'amélioration de l'efficacité alimentaire par la voie génétique nécessite d'enregistrer, individuellement pour chaque animal, la consommation alimentaire ainsi que le poids vif. En production, le fait de travailler sur un effectif important d'animaux ne permet pas d'avoir accès à ces deux informations individuellement. En sélection, le fait que l'enregistrement de ces données nécessite de mettre les animaux dans des cages individuelles, limite considérablement les effectifs que l'on peut mettre en test et néglige l'influence des interactions sociales sur ce caractère. Le projet EvaHD a donc pour objectif de répondre à cette problématique en développant un dispositif de mangeoire automatique permettant d'enregistrer, en temps réel, le poids vif et la consommation alimentaire individuels de chaque animal qui sollicite ce dispositif. L'originalité de cette mangeoire automatique, par rapport aux dispositifs qui existent déjà sur le terrain, est qu'elle n'est pas basée sur un système de couloir isolant les animaux qui la sollicitent, mais qu'elle est circulaire et accessible à tous comme en élevage ce qui permet d'observer, en plus de l'efficacité alimentaire, le comportement alimentaire des animaux ainsi que l'interaction sociale entre eux.

Ce projet est mené en partenariat avec l'INRAE et l'ITAVI. Le rôle du SYSAAF dans ce consortium est variable en fonction des actions menées dans ce projet. Dans la première action (Coordination technique et valorisation), le SYSAAF a participé à l'élaboration du cahier des charges du dispositif. Dans le cadre de l'action 2 (Mise au point technique du dispositif), le SYSAAF a activement participé aux essais expérimentaux visant à valider le dispositif (prototype) après assemblage. Dans le cadre de l'action 3 (Mise à l'épreuve du prototype pour la sélection génétique et l'alimentation), un essai sur un effectif important d'animaux et dans des conditions proches du terrain a été réalisé. Le SYSAAF réalise une partie des analyses génétiques des données de l'expérimentation, en particulier de cinétique d'évolution du poids vif. Ces analyses visent à modéliser les courbes d'évolution individuelle des animaux testés sur le dispositif en vue d'analyser la faisabilité d'une sélection génétique directe sur ces courbes et leurs paramètres.

3-2-7 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 efficiente. Dans ce contexte, des tests expérimentaux de fertilité avec de la semence congelée/décongelée inséminée à 200 ou 400 millions de spermatozoïdes/ml ont été réalisés en utilisant le glycérol comme cryoprotecteur. Les taux moyens de fertilité après deux inséminations restent faibles 20%, mais peuvent être supérieurs à 60% après 3 inséminations et plus. Par ailleurs, des tests de fertilité sont actuellement en cours avec le diméthyle formamide (DMF), un cryoprotecteur ne nécessitant pas d'être retiré à la décongélation. Cette technique pourrait-être utilisée sur le terrain et ainsi permettrait de mieux répondre aux attentes de nos adhérents. Les tests sont en cours de réalisation et vont se poursuivre en 2020.

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 contrastées. Dans ce contexte, le programme Fertimale a pour objectif de confirmer le caractère diagnostic de ce test chez différentes lignées en sélection commerciale de l'espèce Gallus. Néanmoins, outre l'aspect diagnostic, 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, le SYSAAF a réalisé la collecte d'un large échantillonnage de semences de coqs de 4 populations pedigrees, c'est-à-dire à généalogie connue (filière chair et pondeuse), 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. Les échantillons pour les analyses ICM-MS collectés en 2019, seront traités en 2020. Si les données acquises confirment l'efficacité de la méthode à titre diagnostic et/ou prédictif, un travail de modélisation mathématique sera conduit. Les modèles devant potentiellement permettre d'évaluer la qualité des gamètes et donc de prédire les potentiels de fertilité des animaux par spectrophotométrie.

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 3ème volet, le programme Chick'Tip, coordonné par l'ITAVI dont l'objectif est d'identifier des indicateurs de la qualité/robustesse des poussins à l'éclosion qui est un souci dans les filières volailles de chair puisque la mortalité précoce peut varier entre 2-3% à plus de 10%. A cette fin, une trentaine de paramètres ont été quantifiés au cours de la période de développement embryonnaire et à différents stades chez de jeunes poussins après éclosion, issus de différentes génétiques expérimentales et commerciales. Le SYSAAF a en charge la réalisation de l'analyse multifactorielle de l'ensemble des données collectées.

Le SYSAAF est aussi le partenaire d'un autre programme de recherche (FertiliChem) conduit en collaboration avec l'équipe SENSOR de l'UMR-PRC de l'INRAE dont l'objectif est d'étudier le rôle physiologique spécifique d'adipokines, en particulier la chémérine, sur le développement embryonnaire et indirectement sur la qualité du poussin. En effet, bien que les taux de fertilité ont progressé, la mortalité embryonnaire engendre encore des pertes allant de 10 à 20% des œufs incubables. La chémérine n'a pas été intégrée dans la liste des paramètres mesurés dans le programme Chick'Tip, mais si l'hypothèse d'un rôle actif de cette molécule est démontrée, elle pourrait donc être prise en compte comme un indicateur d'un potentiel de robustesse du poussin à éclore. Les 1ers résultats de ce programme révèlent que la chémérine est présente en quantité dans le blanc des œufs chez toutes les espèces de volailles et gibiers chez lesquelles nous l'avons recherchée (Gallinacées et Palmipèdes). L'analyse de prélèvements tissulaires réalisés au niveau de l'oviducte chez les espèces Gallus et faisan, montre que la chémérine est fortement exprimée au niveau du magnum, zone qui est responsable de la formation de l'albumen (Blanc) de l'œuf (Données non publiées). Par ailleurs, l'injection d'anticorps anti-chémérine au cours de la période de développement embryonnaire inhibe de façon dose dépendante le développement embryonnaire chez Gallus (Données non publiées). Chez les mammifères, la chémérine et ses récepteurs sont aussi présents au niveau de l'utérus et du placenta (Garces et al., 2012). Dans le placenta, le système de signalisation de la chémérine (Hormone et récepteurs) joue un rôle important dans la régulation du métabolisme fœto-maternel, de la croissance du fœtus et de l'homéostasie métabolique pendant la grossesse. Par analogie et fort de nos résultats sachant que les différents constituants de l'œuf jouant obligatoirement un rôle durant le développement embryonnaire, de nouvelles expérimentations seront mises en œuvre au premier semestre 2020, pour explorer le rôle putatif de la chémérine dans ce processus chez les espèces Gallus et canards commun et de Barbarie (Programme ChemPredict). Si les hypothèses sont confirmées, sa quantification pourrait potentiellement être utilisée comme critère de sélection par les généticiens du SYSAAF afin d'accroître sa concentration dans le blanc d'œuf.

Parallèlement, 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. La solution pour éviter de les tuer serait d'élever ces poussins mâles, mais ceux-ci ne répondent pas 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'écarter les mâles avant éclosion et ainsi éviter de les éliminer après sexage.

Cette approche fera l'objet d'investigation dans le programme H2020 PPILOW. 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 acceptable pour les éleveurs et répondre aux attentes des consommateurs et citoyens. Ainsi, un premier lot constitué de plusieurs génotypes issus de croisements, avec différents objectifs de croissance et de production d'œufs a été produit et est actuellement en cours d'élevage dans trois pays différents (Danemark, Allemagne, France). De nombreux critères de productivité, mais également de comportement et de bien-être vont être collectés. Le SYSAAF assure la logistique entre les partenaires et participe au suivi des expérimentations puis réalisera l'analyse globale des données multisites.

3-2-8 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 évalués 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.

3-2-9 Phénotypage de caractères de reproduction chez la mouche soldat noire.

La maîtrise de la reproduction est un élément primordial dans le processus de domestication d'une nouvelle espèce. Même s'ils sont loin d'être totalement élucidés, les mécanismes de reproduction ont fait l'objet de nombreux travaux chez différentes espèces de vertébrés (mammifères, oiseaux, poissons), par contre les inconnues sont nombreuses chez les espèces d'invertébrés dont les insectes. L'élevage d'insectes est présenté depuis quelques années comme une source de protéines dont les qualités nutritionnelles peuvent en faire une bonne alternative pour l'alimentation des poissons et monogastriques (Stadlander et al., 2017), si ce n'est pour l'homme. Aujourd'hui, la maîtrise de leur cycle de reproduction et de la gestion de la diversité génétique des populations en élevage est donc un préalable indispensable à l'optimisation des techniques d'élevage de ces espèces. *Hermetia illucens* ou "mouche soldat noire" est une des 2 espèces qui sont principalement utilisées en élevage. Dans ce contexte, le SYSAAF avait initialement été sollicité par l'entreprise InnovaFeed. Après une analyse de la bibliographie, un 1er projet (ReproGenFly) a été élaboré en 2018 et réalisé en 2019, en partenariat avec ladite société et l'Institut de Recherche sur la Biologie des Insectes de l'Université de Tours (IRBI). L'objectif était de mieux comprendre le cycle de reproduction d'*Hermetia illucens*, pour mettre en place un programme de sélection structuré. Ce projet ReproGenFly a permis de caractériser l'appareil reproducteur d'*Hermetia illucens* et d'acquérir de nouvelles informations cruciales sur son mode de reproduction au niveau comportementale et physiologique. Parallèlement, dans un partenariat avec PolytechTours de l'Université de Tours, un programme de recherche, associant des approches de vision-numérique et de modélisation, et visant à mettre au point une méthode de quantification du nombre d'œufs pondus par femelle au cours de chaque ponte a été engagé. Les résultats préliminaires sont encourageants et la démarche devrait être poursuivie en 2020. Par ailleurs, une 2nde entreprise AgroNutris, a sollicité le SYSAAF pour un appui technique en R&D, et la mise en place de programmes en interne.

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 dans un 2nd temps. Un objectif du SYSAAF est donc de caractériser la diversité génétique intra et/ou inter-population sur la base d'informations génomiques chez des espèces avicoles et aquacoles via plusieurs programmes de recherche concernant principalement en 2019 les espèces faisans (FaisSigne), caille des blés et caille japonaise (HybridationCaille) et ormeau (GenOrmeau).

La gestion et la préservation de la diversité génétique répond à plusieurs objectifs. Ainsi, une gestion raisonnée des accouplements garantit la conservation de la variabilité génétique, nécessaire dans les populations sélectionnées pour réaliser du progrès génétique. De même, la gestion des accouplements permet 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. Pour les espèces avicoles, la gestion du patrimoine génétique via le contrôle des accouplements repose dans la plupart des espèces sur l'utilisation d'inséminations artificielles et le recours à des cages individuelles pendant la période de ponte. Compte-tenu de l'évolution des attentes sociétales en matière de bien-être animal, la mise en œuvre de ces pratiques et modes d'élevage chez les sélectionneurs risquent d'être remise en cause. Par ailleurs, certains adhérents souhaitent également gérer certaines populations en élevage collectif au sol pour la reproduction et utiliser les outils d'assignation pour établir les pédigrées. Un enjeu majeur pour le SYSAAF est d'anticiper cette évolution en mettant au point des panels SNP d'assignation de parenté chez les différentes espèces de volailles et gibiers présentés chez les adhérents du SYSAAF, notamment pour la poule (RefGenDivA), le faisan (FaisSigne), l'oie (SNPoie), les canards (CanArray). De tels outils moléculaires existent déjà pour certaines espèces aquacoles (truite, bar, daurade, turbot, etc...), mais ceux-ci utilisent des marqueurs microsatellites dont la mise en œuvre est plus coûteuse et qui sont par ailleurs aujourd'hui proches de l'obsolescence et donc moins puissants. De nouveaux panels de marqueurs SNP sont à différents stades d'étude chez plusieurs espèces aquacoles comme l'ormeau (GenOrmeau), la truite (57K Truite), le maigre, le turbot (TurBoost), la crevette bleue (Assist), et l'huître creuse (GenOyster). Le développement de ces outils repose sur l'identification des ressources génomiques (SNP) appropriées pour cet objectif et adaptées aux populations de nos adhérents, 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...), la collaboration avec les laboratoires de génotypage pour valider et affiner le choix d'un nombre plus restreint de marqueurs avec testage du panel sur des échantillons expérimentaux et enfin la validation de leur réelle puissance d'assignation en conditions réelles. Les résultats de l'assignation dépendent également du logiciel d'analyse utilisé et le développement d'un outil d'assignation nécessitant un nombre de paramètres restreint a été développé dans le cadre du programme GeneSea.

Les outils d'assignation de parenté développés sont ensuite mis en œuvre sur le terrain, mais également dans le cadre d'expérimentations. A titre d'exemple, l'outil développé pour le turbot permettra de reconstituer les pedigrees des animaux dans le cadre du programme TurBoost, permettant d'envisager d'explorer les possibilités d'amélioration par sélection généalogique des critères de résistance aux maladies (*Edwardsiella tarda*) et de production comme le rendement à la découpe. D'autres espèces, comme l'ormeau

(GenOrmeau) ou la crevette bleue, ne disposaient pas d'outil microsatellite préexistant et requièrent donc le développement de panels d'assignation SNP en préalable à la mise en place de programme de sélection généalogique.

La préservation du patrimoine génétique peut également avoir pour objectif de contrôler l'impact des pratiques de sélection sur la diversité génétique de populations domestiques et/ou sauvages. Le SYSAAF répond à cet objectif avec par exemple le développement d'un panel de marqueurs SNP pour la détection de l'hybridation entre la Caille des blés et la Caille japonaise (Programme HybridationCaille). Le panel de marqueurs ainsi que la méthode statistique (BTH – Balance ton Hybride) développée dans le cadre du programme HybridationCaille en 2018, ont été mis en œuvre pour qualifier des populations supposément être constituées de cailles des blés pures, ainsi que dans le cadre d'une collaboration avec l'Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage (Caill'ou). Ce programme en cours a pour objectif d'établir une cartographie des taux d'hybridation des populations sauvages de Caille des blés présentes aux périodes de migration à l'automne et au printemps après échantillonnage de nombreux territoires en France (Caill'ou).

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. Chez l'huître creuse, un premier panel a été développé par le SYSAAF en collaboration avec l'Ifremer (Lapegue et al., 2014) mais des taux d'assignation variables ont été rapportés laissant supposer l'existence d'allèles nuls très fréquents chez les mollusques. Ce travail va être poursuivi en utilisant les informations disponibles par la réalisation de génotypage avec la puce 57K. Chez l'ormeau, des marqueurs microsatellites avaient été développés dans un précédent projet, mais en raison de l'observation de taux de mutation du génome élevés chez les mollusques, ces marqueurs deviennent inutilisables au bout de quelques générations. Il devient donc indispensable de les remplacer par des marqueurs SNP pour accéder aux indicateurs de variabilité génétique de cette espèce.

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 peut maintenant ou pourra prochainement bénéficier de ce type d'outil : poule, faisan, oie, canard, ormeau, palourde japonaise, huître creuse, truite, bar, daurade, turbot, maigre, crevette bleue. Pour ces espèces caractérisées par des individus ayant une faible valeur monétaire (par opposition aux animaux des filières ruminants ou équines, 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, il est donc crucial de maximiser le taux d'assignation avec le nombre de SNP le plus faible possible pour en minimiser le coût. La mise au point de ces outils nécessite donc un investissement en R&D conséquent afin d'optimiser le choix des marqueurs pour chacune des espèces, voire parfois population ou lignée, et les méthodes d'analyse.

C - Hybridation interspécifique

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 3^{ème} ou 4^{ème} génération). Les travaux menés par le SYSAAF 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 (BTH) exploitant l'information de ces 96 marqueurs dans le but d'assigner des individus de statut inconnu à différentes classes d'hybridation entre la Caille des blés et la Caille japonaise avec une sensibilité plus élevée que celle disponible sur la base des marqueurs microsatellites disponibles.

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

A - Caractérisation des populations

Dans le cas de l'orveau, les marqueurs microsatellites existants ne sont plus utilisables à cause du taux de mutation élevé chez cette espèce. Aucune ressource SNP n'étant disponible, des travaux de R&D ont été engagés afin de générer des marqueurs SNP à partir des données RNA-seq publiées (Harney et al., 2016), et parmi les SNP obtenus, d'identifier les marqueurs adaptés pour caractériser la structure des populations d'orveaux.

B - Assignation de parenté

Pour les espèces concernées par le développement de panels d'assignation de parenté SNP (poule, faisan, oie, canard commun et canard de Barbarie, orveau, palourde, huître creuse, truite, bar, daurade, maigre, turbot), l'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 truite, bar, daurade, huître creuse, oie, canard et poule se trouvent dans ce cas de figure, or l'optimisation de tels panels requiert généralement plus de marqueurs SNP, 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, Tortereau *et al.* 2017 ; 196 marqueurs chez l'huître creuse (Lapegue *et al.*, 2014). Dans le cas de la poule, le panel est mis au point avec un 2nd objectif qui est de réaliser des assignations à la race. Dans un contexte d'assignation de parenté, les marqueurs les plus informatifs ont une fréquence de l'allèle mineur (MAF) autour de 0,5, tandis que dans un contexte d'assignation à la race les marqueurs doivent être fixés ou proches de la fixation (MAF proche de 0). Pour lever ce verrou, une méthodologie de choix des marqueurs développée spécifiquement pour ce projet est mise en œuvre. Il faut noter également que si des outils de génotypage haut débit sont développés pour les canard commun et canard de Barbarie, ainsi que leur hybride le canard mulard, l'huître, la truite, le bar et la daurade, de tels outils n'existent pas pour l'orveau, la palourde, l'oie et le faisan. Un verrou à lever pour ces espèces réside dans le développement de marqueurs SNP.

C - Hybridation interspécifique

Dans le cadre du projet HybridationCaille, une méthode statistique (BTH) a été développée mais nécessitait encore l'expertise d'un généticien des populations pour être utilisée. L'analyse en routine d'échantillons nécessite que la procédure d'analyse soit simplifiée. Il a donc été prévu de créer une bibliothèque de fonctions permettant à tout salarié généticien du SYSAAF d'utiliser cette méthode statistique. Bien que les populations de référence de Caille des blés et de Caille japonaise ont été choisies avec l'objectif de couvrir au mieux la diversité génétique de ces deux espèces, il est nécessaire de confronter le test avec un nombre plus important d'échantillons à tester pour compléter sa validation. Dans cet esprit, une collaboration avec l'ONCFS permet de collecter un nombre important d'échantillons à tester. Il a été nécessaire de coordonner l'échantillonnage réalisé dans des conditions de terrain souvent suboptimales.

3-3-4 Travaux de recherche réalisés, démarches expérimentales

A - Caractérisation des populations

En 2018, le projet GenOrmeau (financé par le FEAMP, AAP 2017) avait permis d'identifier des marqueurs pour l'assignation de parenté (Harney et al., 2018). En 2019, ces marqueurs ont pu être utilisés pour évaluer la diversité génétique de la population de France Haliotis, en comparaison avec des animaux sauvages. Un large échantillonnage a été réalisé sur les populations sauvages du Finistère Nord pour mesurer la diversité génétique au sein de France Haliotis. La population fondatrice du cheptel de l'écloserie a principalement été prélevée sur ces mêmes zones géographiques. Les génotypes des individus pêchés en 2019 constituent la base de référence pour l'analyse de variabilité de la population de France Haliotis. Les effectifs efficaces calculés pour les deux générations de France Haliotis sont sensiblement plus faibles que celui estimé sur la population sauvage. Il s'agit d'un phénomène classiquement observé dans une population fermée. Les autres indicateurs de diversité génétique étudiés (hétérozygotie, Fis) n'ont par ailleurs pas révélé de baisse de diversité génétique dans les populations de l'écloserie après quatre générations de sélection. Elle est aujourd'hui au même niveau que la diversité de la population sauvage du Finistère Nord. Ces résultats sont rassurants quant à la gestion de la consanguinité mise en œuvre dans l'entreprise. En revanche on observe une nette différenciation génétique entre les populations d'écloserie et la population sauvage. Il est probable que cette divergence soit le fruit des quatre générations de domestication qui séparent aujourd'hui la population sauvage de la population de France Haliotis. Cette différenciation génétique qui s'opère entre une population d'écloserie et la population sauvage a déjà été rapportée sur la coquille Saint-Jacques après seulement une génération (Morvezen et al., 2016). Bien que le réensemencement doive être conséquent pour impacter la population sauvage, cette différenciation serait à caractériser plus finement pour des problématiques de repeuplement.

B - Assignation de parenté

Dans le programme GeneSea, un logiciel d'assignation de parenté écrit en langage R a été finalisé et testé sur des données théoriques et en situations concrètes, dans le cadre de la thèse de Ronan Griot. En 2019, ce logiciel a fait l'objet d'une publication (Griot et al., 2019). Il est maintenant utilisé en routine tant pour des espèces aquacoles, qu'avicoles au sein du SYSAAF et accessible librement sur le Web sous forme d'un package R (<https://cran.r-project.org/web/packages/APIS/index.html>)

Dans le programme GenOrmeau, des marqueurs SNP qui avaient été identifiés pour l'assignation de parenté (Harney et al., 2018) ont été mis à l'épreuve. Les individus de 4^{ème} génération de sélection ont été prélevés, ainsi que leurs parents. Les génotypes de ces individus ont permis de tester de nouveau le panel d'assignation et d'étudier la représentation familiale. 35 SNPs ont également été ajoutés aux 123 du panel d'assignation pour l'analyse de variabilité génétique. L'assignation de parenté a permis la reconstitution du pedigree de 84% des 150 individus génotypés. La puissance du panel d'assignation semble être médiocre sur ce jeu de données. En considérant qu'il n'y a pas eu de mélange de lot et que tous les parents ont été génotypés pour chaque lot, les parents de 16% des individus n'ont pu être identifiés. Ce résultat est d'autant plus décevant que le nombre d'inadéquations autorisées entre le génotype des parents et des descendants lors de l'assignation de parenté était de 5. Un soin particulier a été apporté à la collecte des ADN parentaux et il est peu probable qu'un parent soit absent du jeu de données. Une autre hypothèse serait un problème de traçabilité du lot d'élevage, ou d'entrée d'animaux sauvages dans la cage d'élevage. Enfin il est possible que l'efficacité du panel d'assignation soit moins forte sur ces lots que sur le lot génotypé au cours du projet

pour l'estimation de paramètres génétiques. Le fort polymorphisme déjà mis en évidence chez les mollusques (Sauvage et al., 2007) peut avoir un fort impact sur les résultats d'une assignation de parenté.

Chez la crevette bleue, un panel d'assignation de 413 marqueurs SNPs avait été développé en 2016 à partir de la population de ressources génétiques de Nouvelle-Calédonie. Les entreprises de Polynésie ont montré leur intérêt pour l'utilisation de cet outil en vue de développer un programme de sélection avec l'appui de la Direction des Ressources Marines. Les premiers tests effectués ont confirmé la présence de ces marqueurs dans la population de crevettes polynésiennes et la possibilité de les utiliser pour l'assignation de parenté. La validation et le transfert du panel sont en cours.

Chez le turbot (programme Turboost), France Turbot Ictus 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 a choisi parmi les 5672 SNPs répartis sur 3 545 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 dans cette analyse. De ce sous-ensemble, 288 seront testés, pour retenir un panel final de 96 SNPs.

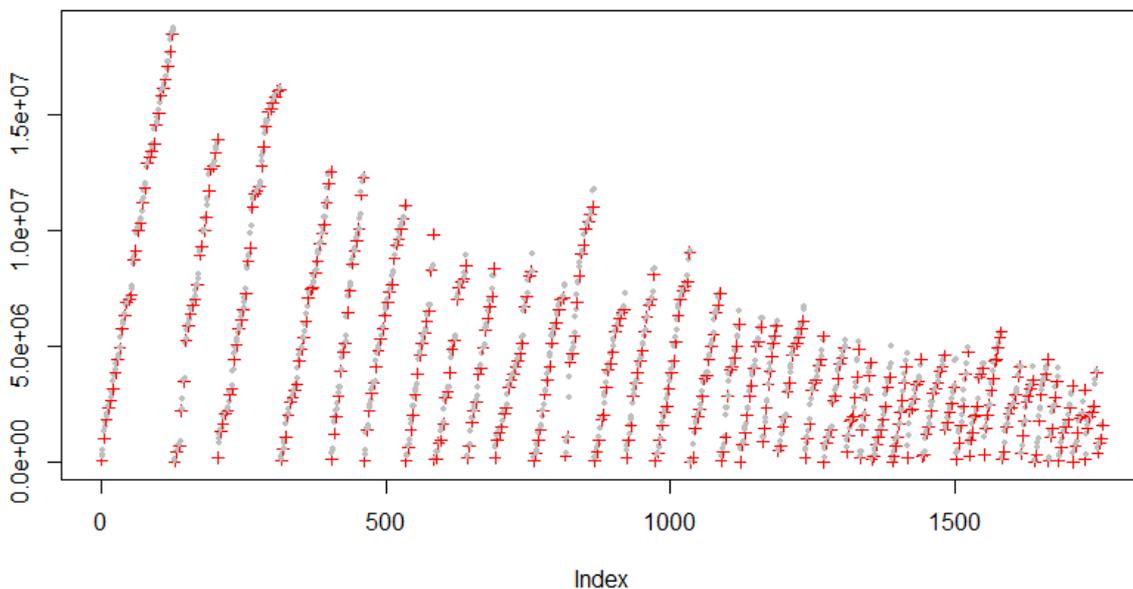


Figure 33 : Position génétique des 478 SNPs (croix rouge) sur les 40 groupes de liaison identifiés dans l'analyse RAD-Seq

En 2018, dans le programme SNPoie, les résultats de génotypage décevants avaient pu être expliqués par un décalage d'une base dans la séquence des amorces. Cette erreur a été corrigée, et une plaque test (95 échantillons analysés sur 96 SNP) a été réalisée. La bonne qualité des résultats de génotypage a permis la reprise du projet, avec le génotypage d'un total de 288 SNP sur 265 échantillons d'oies (trios pères-mères-descendants) issus de trois lignées du sélectionneur Grimaud Frères Sélection. Les données de génotypage ont dans un premier temps été filtrées sur leur qualité : seuls les individus et les marqueurs présentant moins de 5% de données manquantes ont été conservés pour l'analyse, soit 212 individus et 250 SNP. Les SNP ont également été filtrés intra-lignée sur l'équilibre d'Hardy-Weinberg, puis sur les erreurs de transmission mendélienne dans lesquelles ils étaient impliqués. A l'issue de ces filtres, il restait 231 SNP communs aux trois lignées. Les MAF ont ensuite été estimées pour chaque SNP intra-lignée, et les SNP ont été classés en fonction de la moyenne de leur MAF dans les 3 lignées. Sur la base de ce classement, 3 panels étaient possibles : un panel avec les 231 marqueurs, un panel « top 192 » avec les 192 SNP présentant les meilleures MAF moyennes, et un panel « top 96 » avec les 96 SNP présentant les meilleures MAF moyennes. Les panels top96 et top 192 ont été testés sur les trios des trois lignées, en utilisant une méthode d'exclusion (logiciel VitAssign), avec un taux de mismatches autorisés fixé à 2%. Le tableau 14 présente les résultats des 3 lignées. On constate que dans les lignées 2 et 3, 6 oisons et 2 oisons respectivement ne sont pas correctement assignés, et ces résultats ne sont pas améliorés quand le panel passe de 96 à 192 SNP. Du fait du taux élevé d'incompatibilités mendéliennes dans les trios de ces oisons (10% d'incompatibilités ou plus pour 6 oisons),

l'hypothèse est que le pedigree renseigné pour ces oisons est faux. Sur la base de ces résultats, il a été décidé pour la 1ère assignation en routine d'utiliser le panel top 96. Sur cette 1ère utilisation, de très bon taux d'assignation ont été obtenus quand tous les parents potentiels étaient génotypés (94% et 97% d'assignation dans deux lignées), en revanche un taux plus faible a été obtenu dans une lignée où une partie des parents potentiels étaient manquants (79%). Ce résultat souligne l'importance d'avoir la totalité des parents potentiels génotypés pour garantir atteindre des taux d'assignation élevés.

Tableau 14 : Nombre d'oisons présentant un résultat d'assignation conforme au pedigree dans 3 lignées d'oies

	Nombre d'oisons correctement assignés par rapport au pedigree	
Taille du panel	96 SNP	192 SNP
Lignée 1	12/12	12/12
Lignée 2	23/29	23/29
Lignée 3	9/11	9/11

Suite aux résultats obtenus chez l'oie après correction des amorces, le traitement des données de séquence a également été corrigé dans le projet FaisSigne portant sur le faisán commun. Les amorces ont été commandées pour 96 des 288 marqueurs nécessaires au projet, pour un test de génotypage sur une plaque de faisans. Les résultats de génotypage obtenus sur cette plaque de tests étant cette fois de bonne qualité, les amorces des 192 autres marqueurs ont été commandées. Le génotypage de la totalité des échantillons nécessaires au programme a été réalisé fin 2019, et l'analyse des résultats sera décrite dans le dossier CIR 2020.

Dans CanArray, des trios père-mère-descendant de lignées commerciales de canards de pedigree connu ont été génotypés sur la puce 600K afin de valider cette puce, mais également d'identifier des marqueurs pertinents pour l'assignation de parenté. Les génotypages étaient disponibles pour 61 trios de canards communs, 32 trios de canard de Barbarie, et pour 70 canards mulards (issus de parents Commun et Barbarie eux-mêmes génotypés). La taille du panel d'assignation visé étant un multiple de 96 SNP, différentes méthodes ont été utilisées pour réduire la liste de marqueurs : sélection aléatoire de marqueurs (random), ou bien tri sur la MAF (seuils à 0,20, 0,30, 0,35) puis sélection aléatoire parmi les SNP restants (méthode 1), ou bien tri sur la MAF intra-fenêtre de 5 ou 6 Mb puis sélection aléatoire parmi les SNP restant (méthode 2). Des panels d'assignation de parenté ont ainsi été obtenu in-silico aussi bien intra espèce (un panel désigné pour le canard Commun, un pour le canard de Barbarie, et un pour le mulard), qu'en multi-espèce (un seul outil pour les deux espèces et leur hybride). Ces panels ont ensuite été testés pour reconstituer le pedigree des trios de pedigree connu, en utilisant le logiciel APIS (Griot et al., 2019) pour réaliser l'assignation. Le taux d'assignation est très élevé quelle que soit la méthode utilisée pour construire le panel, et ce même pour un panel de 96 SNP. Les résultats d'assignation sont légèrement améliorés en passant d'un panel de 96 SNP à 192 SNP. Des résultats similaires sont observés intra-espèce chez le canard de Barbarie et chez le mulard. Dans le cas d'un panel unique multi-espèce, le taux d'assignation obtenu sur la totalité des trios disponible reste très élevé (97%), indiquant qu'un panel multi-espèce pourrait fonctionner pour les lignées en sélection.

Dans RefGenDivA, la liste de SNP d'assignation à la race a été complétée par une liste de marqueurs d'assignation de parenté. Ces marqueurs d'assignation de parenté ont été choisis dans une liste d'environ 1200 SNP, qui avaient été obtenus par génotypage sur la puce Illumina 65K, et préfiltrés pour leur qualité et leur niveau de polymorphisme dans 37 races et lignées de poules. Des puces d'assignation de 48, 96 marqueurs et 192 marqueurs ont été générées avec différentes méthodes de choix des SNP : aléatoire, filtre sur la MAF, et filtre sur la MAF sur des fenêtres glissantes. Pour chaque scénario de choix de puce, 10 puces ont été simulées, et des tests d'assignation ont été réalisés dans 11 races et lignées pour lesquelles des trios

père-mère-descendant étaient disponibles. Dans 7 races et lignées, de bons taux d'assignation sont obtenus avec les panels de 96 marqueurs (Figures 34 et 35)

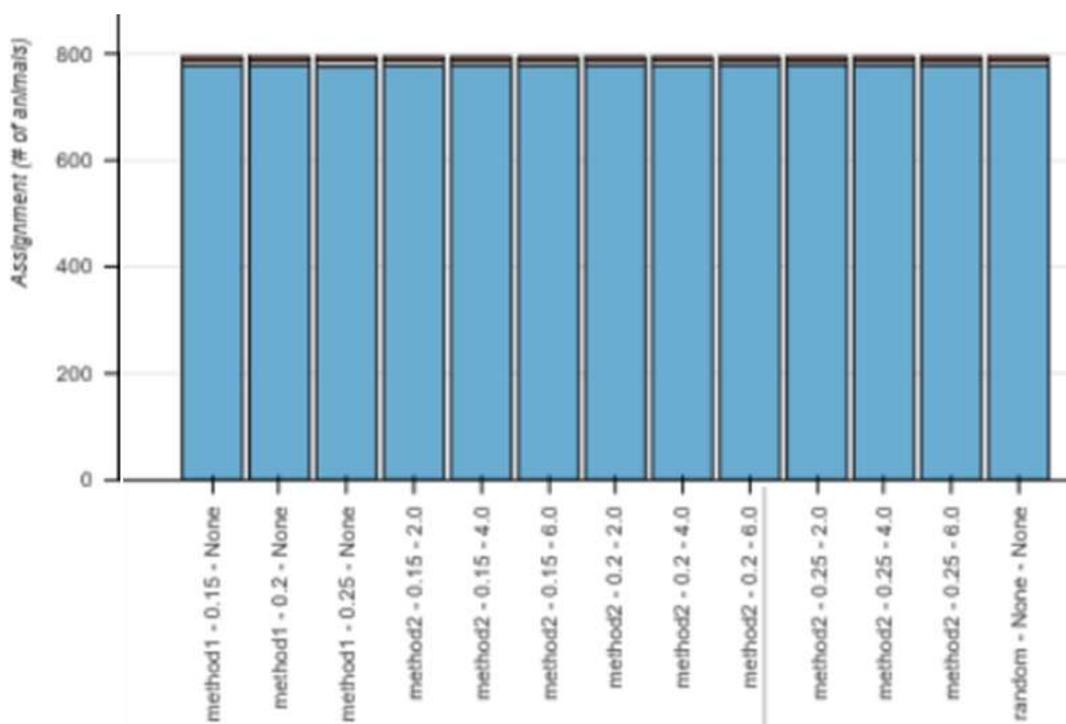


Figure 34 : Quelle que soit la méthode utilisée pour constituer le panel. Quatre races obtiennent des taux d'assignation plus faibles, causés par des trios présentant de forts taux d'incompatibilités mendéliennes. L'hypothèse est que le lien de filiation supposé entre les échantillons de ces trios est faux, en raison de problèmes de traçabilité au moment de la reproduction, des prélèvements ou de la gestion des échantillons.

Figure 35 : Nombre d'échantillons correctement assignés (bleu), non-assignés (blanc) ou assignés à tort (orange) avec des panels de 96 SNP, construits avec différentes méthodes de choix des SNP : aléatoire (random), filtre sur la MAF (method1), et filtre sur la MAF sur des fenêtres glissantes (méthode 2)

C - Hybridation interspécifique

Dans HybridationCaille, la méthode statistique permettant l'assignation d'individus à des classes d'individus hybrides entre la Caille des Blés et la Caille japonaise a été aménagée sous la forme d'une bibliothèque de fonctions rendant plus aisé l'analyse de tout jeu de données. Cette bibliothèque de fonction (BTH) a été utilisée pour qualifier le statut d'hybridation d'animaux échantillonnés par la société Caillor sur la base des 96 marqueurs mis en évidence en 2018. Cette analyse a montré que l'ensemble des 9 animaux analysés étaient hybrides Fx. Un rapport d'analyse a été adressé à la société Caillor. Les résultats de recherche obtenus en 2018 ont servis de support à de nombreuses communications écrites et orales au cours de l'année 2019 en France et à l'étranger (Forum Gibier et Chasse, Paris, 1er Mars 2019 ; Journées de la Recherche Avicole, Tours, 20-21 Mars 2019, Conseil d'administration de l'InterproChasse, Paris, 5 Février 2019 ; European Symposium on Poultry Genetics, Prague, 23-25 Octobre 2019). De plus une déclaration d'invention a été déposée auprès d'INRA Transfert et est en cours d'enregistrement.

Une convention de collaboration signée avec l'ONCFS a permis au SYSAAF de développer le projet Caill'ou. Un protocole d'échantillonnage en accord avec la législation a été imaginé et 339 échantillons ont été récupérés par un réseau de bagueurs spécifiquement formés et répartis dans 8 départements Français le long d'un gradient Sud-Nord. Ces échantillons ont été centralisés au SYSAAF et conditionnés pour envoi à la plateforme Gentyane en vue de leur génotypage qui aura lieu en début d'année 2020.

3-4 Utilisation d'outils de génotypage 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 génotypages sont devenues envisageables ou sont en voie de l'être en espèces avicoles et aquacoles. Le SYSAAF a pour objectif, par le moyen de R&D interne et de programmes de recherche financés dans le cadre d'appels d'offre, de proposer à ses adhérents la meilleure utilisation possible de la génomique pour leurs populations. Dans ce contexte, la Transversalité Développements Génomique a entre autres pour mission la réalisation de R&D interne, notamment sur les outils d'évaluation génomique. 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 les canards communs, de Barbarie et mulard (CanArray), la truite (SG-Truite, NéoBio, Omega-Truite), le bar (GeneSea, AqualImpact), la daurade (GeneSea, AqualImpact), l'esturgeon (SiberSex, S'STURGEON), et l'huître (Vivaldi, QualityHuitre). Pour certaines de ces espèces, les outils de génotypage à haut-débit ne sont pas disponibles, et l'une des missions du SYSAAF est de permettre aux adhérents de disposer de ces outils (génomomes assemblés, puces), aujourd'hui indispensables pour une utilisation en routine de la SAM ou de la sélection génomique. Les espèces pour lesquelles des projets impliquant le SYSAAF visent à l'obtention d'information sur les génomes sont le canard de Barbarie (CanArray), la poule (AviDeDisparition), la pintade, l'esturgeon (SiberSex, S'STURGEON), et la daurade (GeneSea), et plus globalement les espèces aquacoles (AQUA-FAANG) et avicoles (SeqOccIN – poule et caille). Dans plusieurs populations aquacoles, 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 (esturgeon - SiberSex, perche - Sex'N'Perch, truite - NéoBio).

3-4-2 Etat de l'art

A - SAM et sélection génomique

Grâce aux marqueurs SNP, il est possible de rechercher les régions du génome ayant un effet sur un caractère dans des analyses GWAS (Genome Wide Association Study - Analyse d'association marqueurs - caractère sur l'ensemble du génome). L'identification de SNP liés à des performances permet d'appréhender le déterminisme génétique des caractères dans de nombreuses espèces (Li et al., 2013). En routine, ce type de marqueurs est utilisé grâce à des puces de génotypage pour la réalisation d'évaluations génomiques. La sélection génomique nécessite une population de référence phénotypée et génotypée, de préférence très apparentée aux individus candidats à la sélection, qui permet d'entraîner le modèle d'estimation des valeurs génétiques sans avoir à phénotyper les candidats. Le passage d'une sélection classique à une sélection génomique peut conduire à une augmentation du progrès génétique grâce à l'amélioration d'un ou plusieurs de ces paramètres : intervalle de génération, intensité de la sélection, précision de l'estimation des valeurs génétiques. La sélection génomique facilite notamment la sélection de caractères liés au sexe (reproduction par exemple) en améliorant la sélection sur le sexe opposé, et plus généralement des caractères non mesurables sur les candidats à la sélection (mesure létale). Son intérêt a déjà été validé dans plusieurs espèces : bovins laitiers (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 UtOplGe, dont le SYSAAF était partenaire, et par plusieurs sélectionneurs de l'espèce *Gallus*, pondeuses et poulet de chair (Wolc et al., 2011) (Chen et al., 2011). En espèces aquacoles, les premières études basées sur des données simulées ont montré que la sélection génomique pourrait améliorer la précision des valeurs génétiques sur des caractères non mesurables sur les candidats à la sélection (Sonesson, 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.

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 néomâles (mâles XX), reproduits avec des femelles « normales » (femelles XX), permettent d'obtenir des populations monosexes femelles. Par ailleurs, les données publiées (Feist et al, 1995 ; Okada et al, 1979 ; Tsumura et al, 1991) et les observations en pisciculture démontrent qu'il est possible d'influencer le sexe phénotypique chez la truite indépendamment du système génétique XX/XY, en combinant facteurs génétiques et/ou environnementaux. En particulier, les résultats indiquent globalement un effet masculinisant des traitements à 18°C qui pourrait être exploité pour la production de néomâles sans hormone. Cependant, l'utilisation d'animaux ayant une propension élevée à la masculinisation risque à terme de favoriser l'apparition d'animaux masculinisés dans leurs descendance

élevées à température standard. Il est donc nécessaire d'évaluer ce risque et de se doter d'outils permettant de le gérer, à l'aide de mesures techniques (contrôle de l'environnement) ou de mesures de gestion génétique particulières, par exemple en privilégiant l'utilisation d'animaux à forte thermosensibilité pour produire les néomâles. Disposer de marqueurs génétiques associés à la thermosensibilité serait donc un outil particulièrement intéressant dans cette perspective. Dans d'autres espèces, comme la perche et l'esturgeon, le dispositif de masculinisation des femelles n'existe pas encore, malgré l'intérêt des populations femelles pour la production. De précédents projets ont permis d'appréhender leur déterminisme sexuel, qui serait de type XX/XY chez la perche, et de type ZZ/ZW chez l'esturgeon, mais aucun test moléculaire ne permet d'identifier le sexe génétique des individus de ces espèces faute d'identification précise à ce jour des régions du génome en cause.

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

A - SAM et sélection génomique

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'huître 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. Enfin, la mise en œuvre des évaluations génomiques nécessite des logiciels spécifiques. Un logiciel en particulier est utilisé au SYSAAF, et afin de sécuriser les traitements réalisés la possibilité d'utiliser un autre logiciel serait souhaitable. Cependant, avant toute implémentation d'un second outil dans les chaînes de traitement, la vérification de la cohérence des résultats produits avec les deux logiciels semble indispensable.

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 la daurade, le canard de Barbarie, le canard Pékin, l'esturgeon *A. gueldenstaedtii* et l'esturgeon *A. baerii*, le développement de puces de génotypage haute ou moyenne densité est un prérequis. Chez l'huître une puce mixte huître plate et huître creuse a récemment été développée (Gutierrez et al., 2017), mais le taux élevé de mutation dans le génome de ces espèces augmente le risque d'obtenir des allèles nuls (allèles qui ne peuvent être lus à cause de mutations dans les amorces des marqueurs SNP) ; le bon fonctionnement des marqueurs de cette puce doit donc être vérifié. 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.

C - Génomique et production sexée

Chez la truite, l'utilisation de la température pour la génération de néomâles à partir de femelles constitue une opportunité car cette technique permettrait de s'affranchir de l'utilisation d'hormones sur les reproducteurs. Les premières études n'avaient pas montré d'effet de la température, quelle que soit la durée d'expositions à la température, confirmant le rôle déterminant du système génétique XX-XY. Cependant, des travaux plus récents ont montré un effet des températures élevées (18°C) pouvant conduire à des déviations significatives du sex-ratio dans des familles standard (augmentation ou diminution de la fréquence de mâles selon les populations ; Magherans et al., 2009) ou à une masculinisation marquée de descendance XX porteuses du caractère "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) est peu propice à la détection de petites déviations à température normale. Valdivia et coll. ont travaillé avec des familles monosexes femelles porteuses du caractère "male", beaucoup plus propices à la détection de faibles taux de masculinisation mais trop peu nombreuses et possédant un fond génétique particulier, ce qui ne permet pas de généraliser les résultats obtenus. On ne sait donc pas s'il existe chez la truite des facteurs spécifiques de la sensibilité à la température conduisant à des fréquences élevées de masculinisation uniquement à température élevée. L'existence de facteurs de ce type serait favorable en pratique, car elle permettrait de combiner un fort taux de masculinisation à température élevée (pour produire les néomâles) sans augmenter notablement le risque de masculinisation dans leurs descendance élevées à température normale.

Chez la perche, de 1ers travaux de génotypage par séquençage (non publiés) ont permis de mettre en évidence des séquences spécifiques du sexe. Une séquence de 100 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. Un verrou à lever est donc 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, l'identification fiable de marqueurs SNP pouvant servir de base pour rechercher une association entre le sexe et les génotypes aux marqueurs est donc à réaliser dans le programme S'Sturgeon.

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

A - SAM et sélection génomique

Dans le projet SG-Truite, (Thèse CIFRE de Jonathan d'Ambrosio), une population commerciale des Aquaculteurs Bretons a été challengée pour la résistance à l'IPN, une population sources de l'Avance a été phénotypée pour des caractères de découpe et une population Viviers de Sarrance a été mesurée pour des caractères de reproduction femelle. Le génotypage de ces populations sur puce 57K SNP a été effectué courant 2018 afin de déterminer l'architecture génétique des caractères et d'estimer le gain en précision éventuellement permis par la sélection génomique comparé à une évaluation classique. En 2019, ces analyses ont été complétées et le nombre de SNP utiles et nécessaires pour atteindre une précision d'évaluation génomique suffisante quantifiés. L'approche testée a été la raréfaction des marqueurs génétiques, tout en calculant la précision obtenue pour chaque jeu de SNPs utilisé, pour chaque caractère considéré. Un exemple de résultats est donné en Figure 36. En général, les résultats indiquent que 6 000 à 10 000 marqueurs SNPs sont suffisants pour obtenir une précision maximale de la sélection génomique. Ces données ont également été croisées avec la taille de la population de référence. Dans le cas des données de reproduction de Viviers de Sarrance, ces résultats indiquent que le scénario avec une taille de population de référence plus grande permet une meilleure précision, particulièrement quand le jeu de données comporte moins de 6000 SNPs (Figure 36).

Toujours chez la truite, le test de la sélection génomique pour sélectionner sur la composition en acide gras de la chair est prévu dans le cadre d'Omega-Truite, soutenu par le FEAMP (voir chapitre sur le développement du phénotypage). Le traitement génomique des données a été initié fin 2019 à partir des prédictors des teneurs en acides gras estimés par spectrométrie Raman, et pour les caractères de découpe et de qualité de la chair estimés par IRM ou vision numérique. Concernant les prédictors des teneurs en acides gras, 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 (par exemple pour les acides gras n-3, n-6, EPA+ DHA ou l'acide linoléique (Figure 37). Aucun QTL à effet fort n'a été mis en évidence sur les caractères mesurés. Les traitements sont en cours en 2020 en incluant aussi les estimations indirectes de rendements de découpe et de teneurs en lipides des darnes estimées par IRM en partenariat avec l'IRSTEA, ou la couleur des darnes et le rendement au parage estimés par vision numérique.

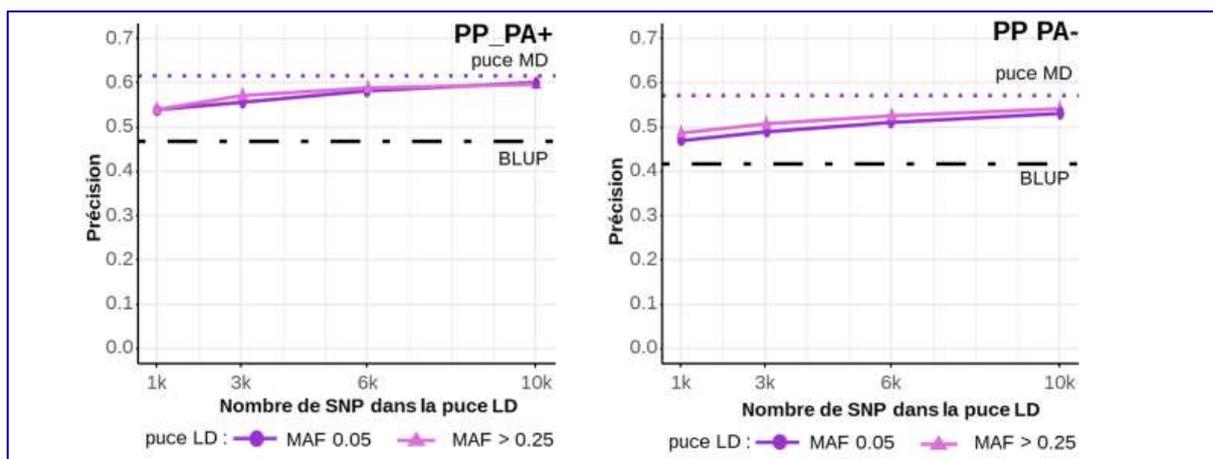


Figure 36 : Calcul de la précision en fonction du nombre de marqueurs utilisés, pour le caractère de rendement gonado-somatique (Poids de la ponte corrigée par le poids individuel). A gauche : scénario avec grande taille de population de référence (PA+) ; à droite, scénario avec une plus petite taille de population de référence (PA-). Deux scénarios de choix des marqueurs sont présentés : en ne gardant que les marqueurs avec une MAF > 0,25, ou en ne gardant que des marqueurs avec une MAF > 0,05. Les pointillés rouges indiquent la précision atteinte avec la puce MD 57k, et les pointillés noirs indiquent la précision obtenue en n'utilisant que le pedigree, sans génomique.

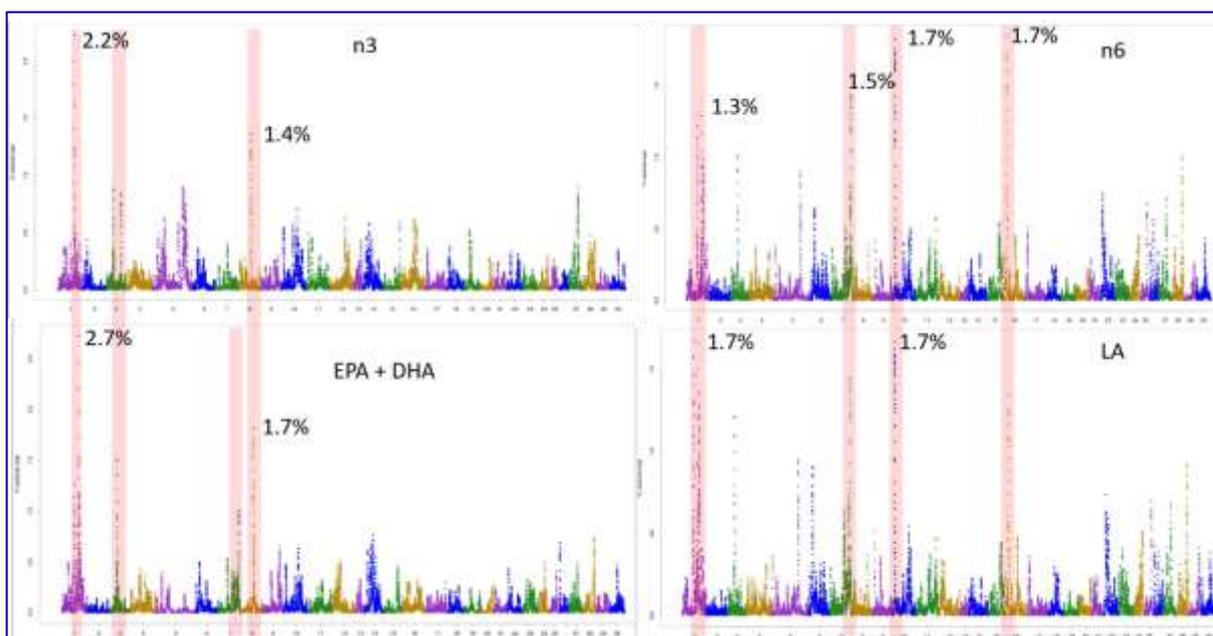


Figure 37 : Manhattan plot des quatre caractères d'acides gras en fonction des groupes de liaisons avec la part de la variance additive expliquées par les zones de marqueurs présentant une probabilité d'association significative.

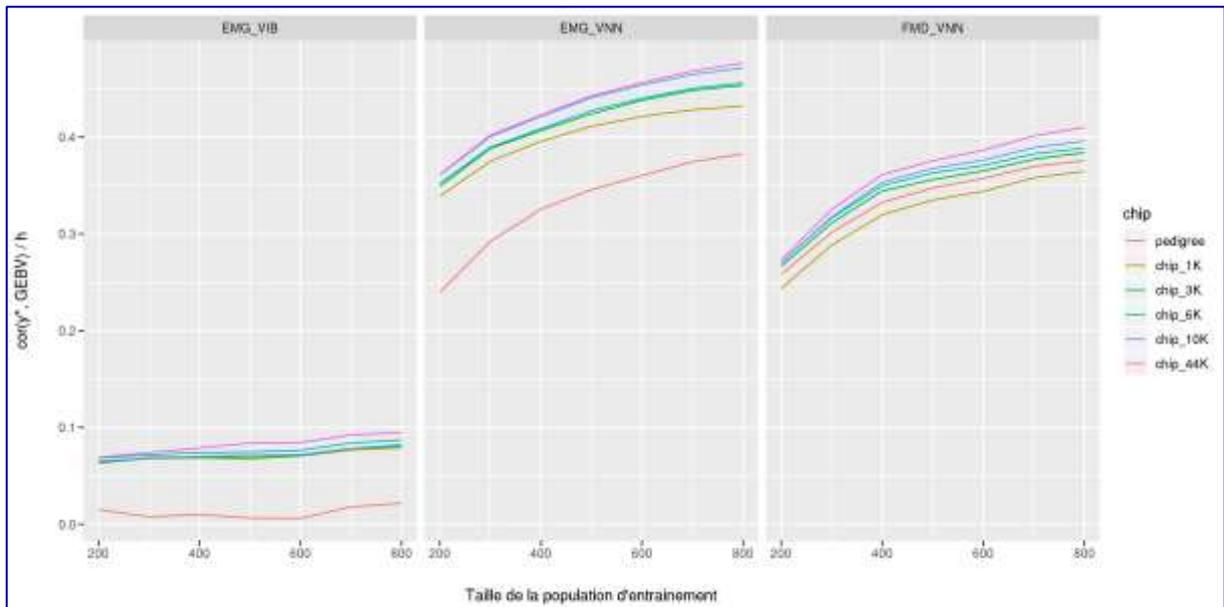


Figure 38 : Efficacité de la sélection génomique pour trois jeux de données : résistance à la Vibriose (EMG_VIB, à gauche), résistance au VNN chez EMG (EMG_VNN, au centre) et résistance au VNN chez FMD (FMD_VNN, à droite). Les abscisses représentent le nombre d'individus dans la population de référence, les ordonnées la précision de la sélection génomique. Chaque courbe correspond à un nombre de marqueurs utilisés (choisi sur critère de MAF et déséquilibre de liaison). La courbe « pedigree » correspond à la précision de l'évaluation génétique classique, sans génomique.

Chez le bar, dans le programme GeneSea, une puce de génotypage 57K marqueurs a été développée et testée en 2018. Le génotypage de 1152 bars d'une population de la Ferme Marine du Douhet (FMD), de 1152 bars d'une population de l'Écloserie Marine de Gravelines (EMG) et de 1152 bars de l'Ifremer a été effectué avec cette puce nouvellement développée. Les résultats obtenus pour la résistance au VNN montrent que la sélection génomique a un intérêt certain. L'approche menée dans le projet GeneSea, similaire à celle du projet SG-Truite, évalue l'efficacité de la sélection génomique en fonction de la taille de la population de référence et du nombre de marqueurs utilisés. Les résultats pour la résistance au VNN (chez EMG et FMD) et au Vibrio (chez EMG) sont donnés en Figure 38. Les résultats montrent que globalement, l'information génomique apporte un gain de précision dans l'estimation des valeurs génétiques. Ce gain est plus important quand la population de référence est plus grande, et un jeu de marqueurs de 6 à 10k SNPs semble efficace pour une sélection génomique en routine. Les gains apportés par la génomique dans le cadre d'une sélection pour la résistance au VNN sont de l'ordre de 10 à 25%.

Les résultats obtenus sur le caractère de résistance à la vibriose sont moins prometteurs. Le caractère est faiblement héritable, et l'apport de la génomique, bien qu'existant, ne permet pas d'envisager une sélection efficace sur ce caractère. En effet, même en utilisant le jeu de données complet, la précision de l'estimation ne dépasse pas 0,1, ce qui ne permet pas d'envisager une amélioration génétique substantielle de la résistance à la vibriose.

Toujours dans le projet GeneSea, une approche GWAS de détection de QTL a été menée, afin de déterminer l'architecture génétique des traits. Un exemple de résultats est donné en Figure 39 (VNN chez EMG). La GWAS semble indiquer qu'une zone du LG12 (chromosome 13) est associée avec le caractère de résistance à la maladie. En effet, ce QTL explique une part non négligeable de la variance génétique, et est significativement associé au phénotype. Suivant les populations d'intérêt, d'autres zones ressortent des analyses. Ces résultats sont en cours de validation sur d'autres populations, phénotypés également pour la résistance au VNN, dans le cadre de la thèse CIFRE de Ronan Griot. Concernant la résistance à la vibriose, aucun QTL d'intérêt n'a été mis en évidence par les analyses GWAS.

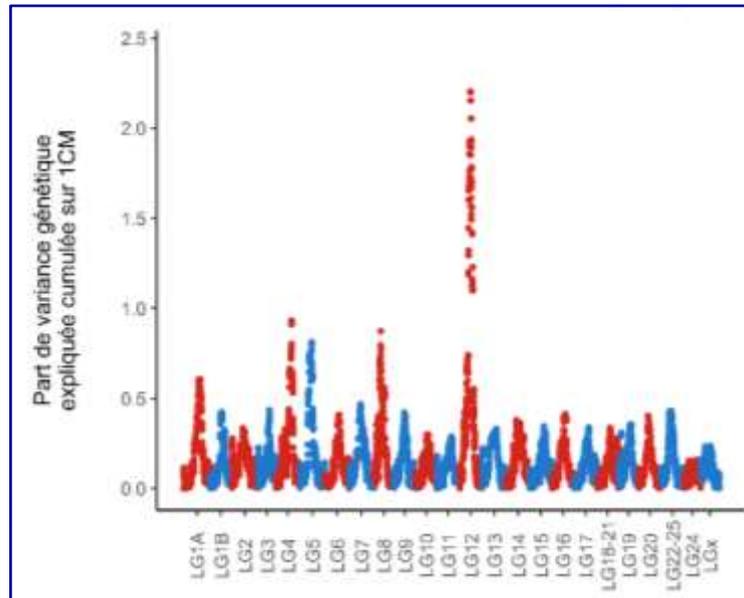


Figure 39 : Manhattan plot obtenu par GWAS sur la population EMG pour le caractère de résistance au VNN. En abscisse, les chromosomes, en ordonnées, la part de variance génétique expliquée, cumulée sur 1cM

Il est également prévu de travailler sur la résistance à la pasteurelle dans le programme GeneSea, sur une population de daurade de la Ferme Marine du Douhet. Le génotypage sera réalisé en 2020.

Dans AqualImpact, en 2019, les familles de daurade ont été produites par l'entreprise FMD. Ces poissons seront phénotypés fin 2020 pour l'analyse des interactions GxE entre cage (Grèce) et bassin (Oléron) et pour la prédiction de la composition en acides gras de la chair, les génotypages et les analyses génomiques étant prévus sur 2021. Les phénotypes d'efficacité alimentaire de daurade ont été acquis courant 2019 (voir chapitre phénotypage) sur la station Ifremer de Palavas et les génotypes sont attendus début 2020. 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 57 K. Les analyses génomiques ont été initiées début 2020 et seront rapportées dans le compte rendu CIR pour l'année 2020.

Chez l'huître creuse, des travaux de R&D génomique sont en cours dans le programme Vivaldi sur la résistance à l'herpès virus OsHV-1. À cette fin, huit familles F2 de *C. gigas* ont été produites à partir de grands-parents hautement résistants (7ème génération de sélection) et de lignées sensibles maintenues indemnes d'infection par l'OsHV-1 depuis 2010. Environ 16 000 individus de ces familles F2 ont été challengés à l'été 2017 lors d'une infection naturelle sur le terrain. Dès que la mortalité a commencé dans un lot sensible (contrôle), les individus F2 ont été ramenés et phénotypés deux fois par jour pour vérifier leur statut (vivant ou mort) et prélever les premiers animaux moribonds pour éviter la décomposition de la chair. Jusqu'à 400 individus moribonds ont été échantillonnés par famille. Les survivants ont été phénotypés et échantillonnés deux mois plus tard (Figure 40). Pour exploiter les informations issues de la structure du pedigree de la famille, le séquençage du génome entier a été effectué sur les grands-parents, les parents (F1) et 5 individus par famille F2 (4 survivants et 1 moribond). Les individus F2 restants ont été génotypés sur 40 625 loci à l'aide d'une puce SNP moyenne densité. Les deux ensembles de données ont été utilisés pour ancrer le projet d'assemblage du génome de l'huître creuse, et effectuer une analyse GWAS. L'analyse GWAS a révélé deux QTL et un supposé qui expliquent plus de 30% de la variance génétique totale.

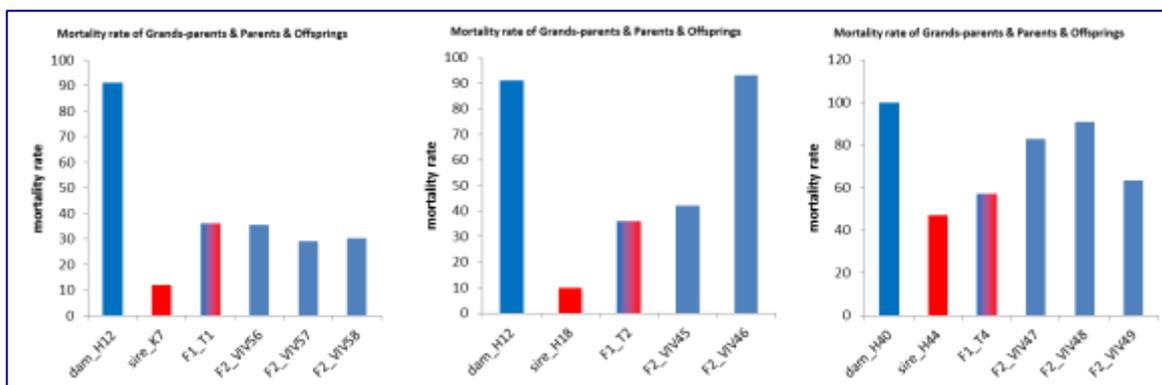


Figure 40 : Moyennes des taux de mortalité chez les grands-parents sensibles (en bleu), chez les grands-parents résistants (en rouge), chez les parents (F1, avec un gradient de bleu à rouge) et chez la progéniture F2 en bleu clair

Dans ce même programme Vivaldi, 700 familles d'huîtres creuses avaient été produites au printemps 2016 : sept semi-factorielles de 10 pères x 10 mères ont été produites à l'écloserie Vendée Naissain. Un morceau de manteau de chaque parent a été conservé dans de l'éthanol à 95% pour assignation de parenté. Les larves ont été réunies en un groupe et élevées après le stade du naissain dans deux sites en France sans (témoin) et avec l'OsHV-1 (challenge « au champ »). A la fin de 2016 et 2017, les huîtres ont été comptées et pondérées, puis ont été replacées dans les deux sites. En novembre 2018, les phénotypes de 1 500 huîtres élevées sur un site ont été mesurés : note morphologique, poids et longueur des huîtres entières, photo des huîtres ouvertes, poids de la coquille et de la chair. Un morceau de manteau a été conservé pour l'attribution de la parenté. Les mêmes mesures ont été effectuées en avril 2019 sur 1 500 huîtres du second site. La reconstitution du pedigree a été effectuée avec un taux de réussite de 96,2 % et 97,7 %. Les héritabilités des traits biométriques étaient de 0,09 à 0,28, confirmant l'efficacité de la sélection génétique. Les corrélations génétiques élevées entre les sites attestent du faible impact des agents pathogènes sur ces traits et de la possibilité que le progrès génétique profite aux deux sites.

Toujours chez l'huître creuse, en 2018, un projet FEAMP a été déposé par le SYSAAF : QualityHuitre. Une puce de génotypage bi-espèces de moyenne densité (57k SNP) existe pour l'huître creuse *C. gigas* et l'huître plate *O. edulis*. Ce projet propose de tester son utilisation en sélection en évaluant la valeur ajoutée de l'information génomique par rapport aux schémas de sélection classiques, basés sur la sélection massale et/ou la sélection généalogique. Très peu d'informations existent à l'heure actuelle sur les potentialités d'amélioration par sélection de la qualité de l'huître, notamment sur des critères gustatifs et nutritifs (composition biochimique) ou visuels (couleur, morphologie). Dans ce contexte, une étude exploratoire sera menée sur plusieurs caractères de qualité du produit final : croissance, rendement en chair, couleur, composition biochimique (lipides, protéines, glycogène). Des adaptations ou développements méthodologiques seront nécessaires pour certains caractères innovants : l'utilisation de l'IRM pour la détermination du sexe et du rendement en chair et l'utilisation la spectrométrie vibrationnelle pour les mesures de compositions biochimiques. Le projet permettra d'établir des populations de références pour les caractères d'intérêt pour chaque sélectionneur partenaire, d'évaluer combien de SNPs sont nécessaires à la précision maximum de l'évaluation génomique, et d'estimer le gain génétique et phénotypique apporté par la sélection génomique. Une approche de type QTL et GWAS sera menée pour étudier l'architecture génétique des caractères d'intérêt. Les premiers résultats de ce projet seront décrits dans le rapport CIR 2020.

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'appareillement génomique (basées sur les marqueurs SNP) par des matrices de ressemblance phénotypique (basée sur des spectres). Les enjeux et premiers résultats de ce projet seront présentés dans les dossiers CIR des années à venir.

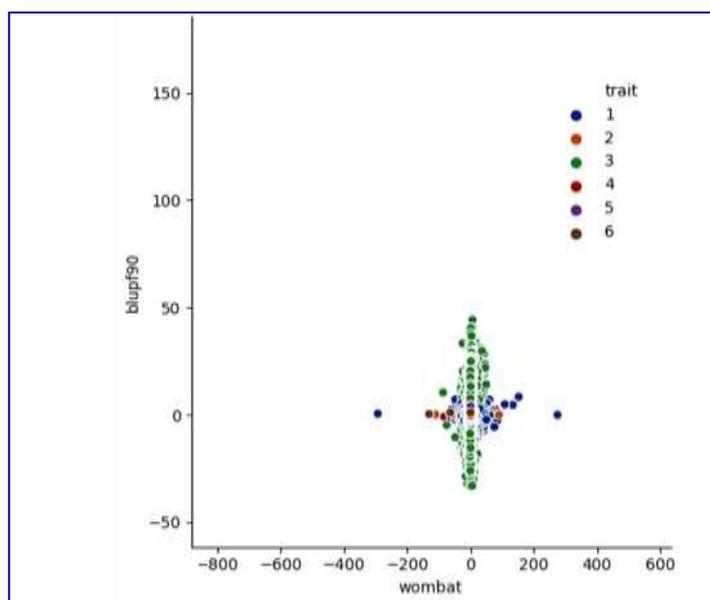


Figure 41 : Comparaison des valeurs génomiques obtenues dans une évaluation multi-caractères avec blupf90 et avec wombat

Les résultats de sélection génomique décrits dans ce chapitre conduisent en fonction des gains en précision à la réalisation des évaluations génomiques en routine dans les programmes de sélection. Dans le cadre de la Transversalité Développements Génomiques, il a été décidé de comparer deux logiciels d'évaluation génomique. En effet, les évaluations génomiques du SYSAAF sont actuellement réalisées avec la suite f90, et l'objectif était de vérifier si en cas de défaillance des logiciels de la suite f90 un autre outil d'évaluation pourrait être utilisé. Le logiciel ciblé pour cette étude était Wombat. Pour la comparaison de blupf90 et de wombat, des données d'évaluation génomique de routine ont été utilisées. Le pedigree comptait environ 41 000 individus, dont 4 000 génotypés, et 8 000 individus avaient des phénotypes. Le fichier de génotypage après contrôle de qualité comptait de l'ordre de 30K SNP. L'évaluation génomique a été réalisée dans un 1^{er} temps dans les mêmes conditions qu'en routine, en l'occurrence sur un jeu de données comptant 6 caractères évalués simultanément. Les valeurs génétiques estimées ont été extraites des sorties des logiciels pour les 6 caractères, et pour chaque caractère la corrélation entre les valeurs génétiques issues de blupf90 et de Wombat a été calculée. Les résultats sont présentés pour les six caractères sur la figure 41, qui montre une absence de corrélation entre les valeurs génétiques estimées avec les deux logiciels. Le même type de résultat a été observé en relançant les évaluations avec les deux logiciels sans inclure les données génomiques.

Après obtention de ces résultats, la comparaison des logiciels a été réitérée sur des modèles plus simples, mono-caractères, puis en augmentant progressivement le nombre de caractères évalués simultanément. Des résultats de cette analyse sont présentés figure 42. Sur les données utilisées, il semblerait que les valeurs génétiques estimées avec les deux logiciels soient bien corrélées sur des évaluations comptant un, deux ou trois caractères. En revanche, au-delà de trois caractères, des résultats similaires à ceux de la Figure 4 sont observés. Le logiciel wombat pourrait donc être une alternative à la suite f90 pour des évaluations génomiques réalisées sur des jeux de données comportant peu de caractères évalués simultanément.

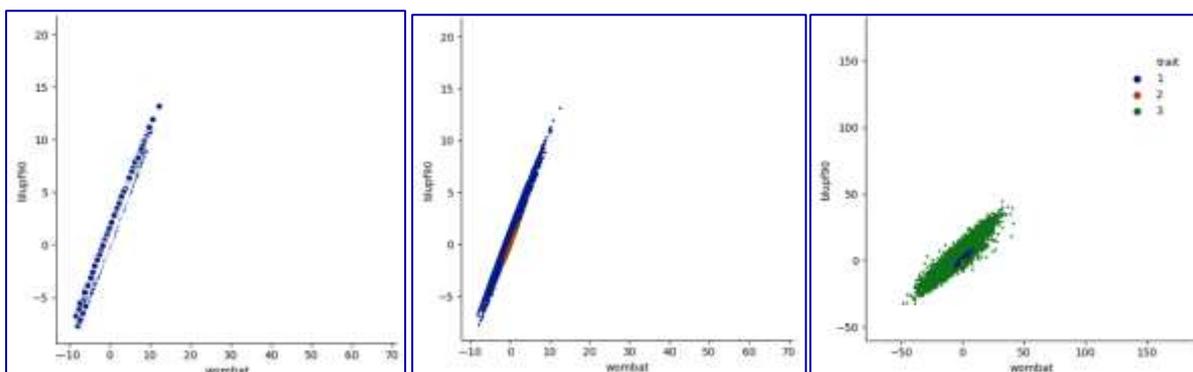


Figure 42 : Comparaison des Genomic Estimated Breeding Values obtenues avec remlf90 dans des évaluations mono-caractère, bi-caractère et tri-caractère

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

Dans le programme SeqOccIN, 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. Le lancement du projet (porté par la plateforme INRA GenoToul – GetPlage) a été réalisé en 2019 ce qui a donné lieu à de premiers échanges entre les partenaires, dont la poursuite sera décrite dans le dossier CIR 2020.

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. La validation de la puce 600K canard a été réalisée en génotypant six plaques de 96 individus : 278 canards Pékin, 202 canards de Barbarie, et 96 canards mulards. La validation a été réalisée dans un 1^{er} temps avec le logiciel Axiom Analysis Suite, puis avec le logiciel Plink (Chang *et al.*, 2015). Les contrôles réalisés avec Axiom Analysis Suite ont conduit à éliminer 17 canards Pékin, 13 canards de Barbarie et un canard mulard en amont du *clustering*, car ces échantillons présentaient de mauvais niveaux de fluorescence. La qualité du *clustering* a ensuite été évaluée pour chaque SNP (Figure 43), ce qui a conduit à conserver 284 269 SNP chez le canard Pékin (343 950 initialement), et 284 270 SNP chez le canard de Barbarie (331 241 initialement). Des filtres ont ensuite été appliqués intra-lignée sur la MAF, sur l'équilibre d'Hardy-Weinberg, sur les incompatibilités mendéliennes, et sur le taux de génotypage. En moyenne 240K SNP ont été conservés dans les lignées de canard Pékin, et 260K SNP ont été conservés dans les lignées de canards de Barbarie. Par ailleurs, dans la phase de mise au point de la puce, seulement 1 305 SNP partagés entre les deux espèces de canard avaient pu être identifiés, et 1 079 ont passé les contrôles de qualité décrits précédemment. Afin de vérifier s'il était possible d'enrichir cette liste avec des marqueurs fonctionnant dans les deux espèces et chez le mulard, les résultats de génotypage de chaque espèce ont également été analysés avec la librairie de l'autre espèce. Ces analyses croisées ont permis d'identifier des marqueurs de bonne qualité et polymorphes à la fois chez les deux espèces et leur hybride : finalement 4 385 SNP fonctionnent chez les 3 types de canards.

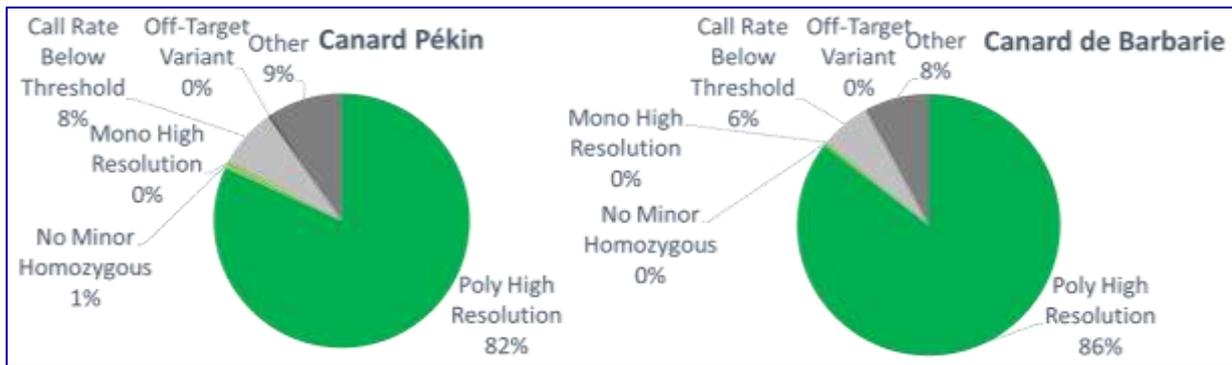


Figure 43 : Classification des SNP de la puce 600K par le logiciel Axiom Analysis Suite chez le canard commun (Pékin) et chez le canard de Barbarie

Chez la daurade (GeneSea), un génome de référence a été publié en 2018. En parallèle dans le programme GeneSea, un séquençage de haute qualité a été effectué. La technique retenue pour le séquençage a été le Minlon Oxford Nanopore, afin d'obtenir de longues séquences d'ADN pour l'assemblage. L'extraction d'une quantité suffisante d'ADN de bonne qualité s'est révélée problématique à cause de la fragilité de l'ADN. Afin de ne pas retarder l'obtention de la puce 57K daurade, les analyses pour l'identification des marqueurs SNP a été lancée parallèlement à la tâche d'assemblage du génome, en utilisant un génome publié après le début du projet. Les données pour l'obtention des SNP étaient les séquences de 20 duos père-descendants fournis par la Ferme Marine du Douhet. Ces séquences ont subi les mêmes types de filtres qualité que ceux appliqués chez le bar (travaux de R&D décrits dans le dossier CIR 2017). Sept millions de SNPs ont ainsi été obtenus avant contrôle qualité, pour n'en garder que 60k à monter sur la puce daurade. Cette puce a été mise au point et fabriquée au cours de l'année 2019. Elle est en phase de test et validation dans le projet GeneSea.

Dans le projet SIBERSEX (*A. baerii*), une femelle de chez Sturgeon a été séquencée avec une couverture en long-reads 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'esturgonière) ont été séquencés en génome individuel short-reads à faible couverture. L'assemblage du génome de cette espèce est actuellement en stand-by 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). Cette technologie est en cours de test dans le projet S'STURGEON décrit ci-après. Le séquençage de l'esturgeon *baeri* sera relancé une fois les résultats de S'STURGEON connus.

Dans le cadre du projet S'STURGEON, le génome d'*A. gueldenstaedtii* est 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 esturgeons bi-espèce, pour tester la sélection génomique chez les adhérents du SYSAAF.

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. 20 204 animaux ont été sexés à 10 ou 15 mois après la fécondation. Les effectifs suivants de

femelles, de mâles et d'individus intersexués ou de sexe indéterminé ont été observés en fonction du traitement thermique (**Erreur ! Source du renvoi introuvable.**15). Les taux de mâles spontanés ont été limités et significativement supérieurs pour le groupe élevé à 12°C (1,99 % vs 0,87%) ce qui est en contradiction avec la littérature scientifique.

Tableau 15 : Effectifs de truites mâles, femelles, indéterminées, et intersexuées observées dans le cadre du programme de sélection des Fils de Charles Murgat

	12°C	18°C	Tot
Nombre de poissons	10 010	10 194	20 204
Femelles	9 771	10 061	19 832
Intersexués	78	54	132
Mâles	126	35	161
Indéterminés	40	44	84
Intersexués (%)	0.78	0.53	0.65
Mâles (%)	1.21	0.34	0.80
Masculinisés (M + I) (%)	1.99	0.87	1.45

1 139 individus ont été génotypés sur 30 811 SNP de la puce Trout Axiom Array 57K, et 60 femelles dont 50 mères ont été re-séquencées selon la technologie TruSeq Nano DNA pour permettre l'imputation des marqueurs identifiés sur la puce à 8,7 millions de SNP. L'héritabilité du caractère de masculinisation spontanée est estimée de l'ordre de 0,48 et 0,62 avec un modèle généalogique BLUP ou génomique GBLUP. Plusieurs QTLs sont associés à la masculinisation spontanée dont 4 QTLs sur Omy1, Omy12 et Omy20, 1 QTL principal sur Omy1 expliquant de ~ 4 -14% de la variance génétique additive (**Erreur ! Source du renvoi introuvable.** 44). Une sélection pour limiter la masculinisation spontanée, ou la favoriser dans la population pourrait être envisagée en utilisant 2 SNPs de la séquence et 1 SNP de la puce. Selon cette stratégie, seulement 53,3% des mâles spontanés 9,1% des femelles pourraient être éliminés (pour contre-sélection) ou conservés (pour favoriser le caractère). Ce travail confirme la possibilité d'envisager une production de truites femelles sans utilisation de néomâles induits par traitement hormonal, les résultats devant au préalable être validés par les autres entreprises de sélection sur leurs lignées. Il confirme aussi la possibilité d'envisager une sélection généalogique ou génomique pour ou contre ce caractère. Cependant l'utilisation des marqueurs QTL identifiés ne permettant que l'identification d'un sous échantillon des animaux à potentiels, ce résultat nécessite des travaux complémentaires. 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.

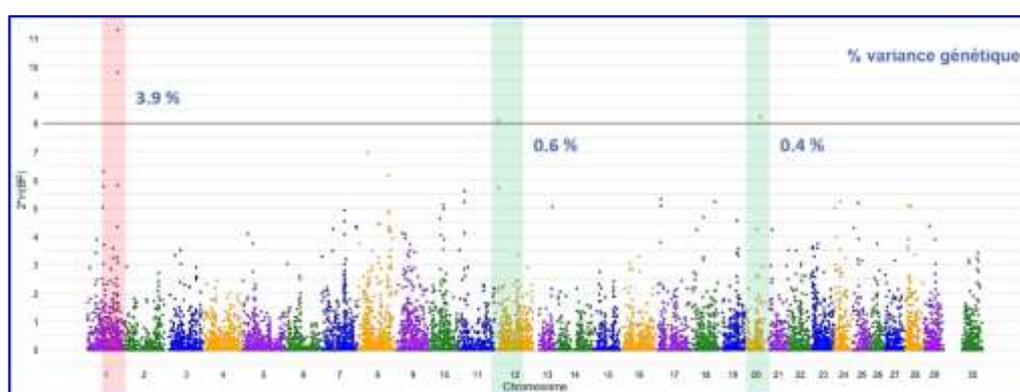


Figure 44 : GWAS montrant l'existence de zones chromosomiques (LG1, 12 et 20) impliquées dans le déterminisme génétique de la masculinisation spontanée chez la truite.

Dans le cadre du projet Sex'n'Perch, en collaboration avec l'INRAE-LPGP et l'entreprise adhérente au SYSAAF Lucas Perches, le séquençage par RAD-Seq de 35 perches mâles et 35 perches femelles a été effectué par l'INRA. Il a permis de mettre en évidence quelques SNPs spécifiquement liés au sexe des individus. Ces SNPs identifiés ont été ensuite validés individuellement sur des animaux de sexe connus (Figure 45). Des 6 SNPs testés, un seul a été retenu (le SNP 1 de la 26) car il est suffisant pour réaliser un test de sexage génétique : il permet d'assigner

le sexe de 100% des animaux génotypés, et avait un succès de génotypage de plus de 99%. Ce même SNP a ensuite été testé sur un lot inversé hormonalement chez Lucas Perches. 70 poissons issus de ce lot inversé ont été sexés génétiquement afin de distinguer parmi les mâles phénotypiques les néomâles (XX) et les mâles génétique (XY). Cette analyse a permis l'identification de 40 néomâles. Ces néomâles 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 est en cours d'élevage, et sera sexé génotypiquement et phénotypiquement dans le courant de l'année 2020. Ses performances (croissance, survie) seront suivies et comparées avec un lot de production « standard ».

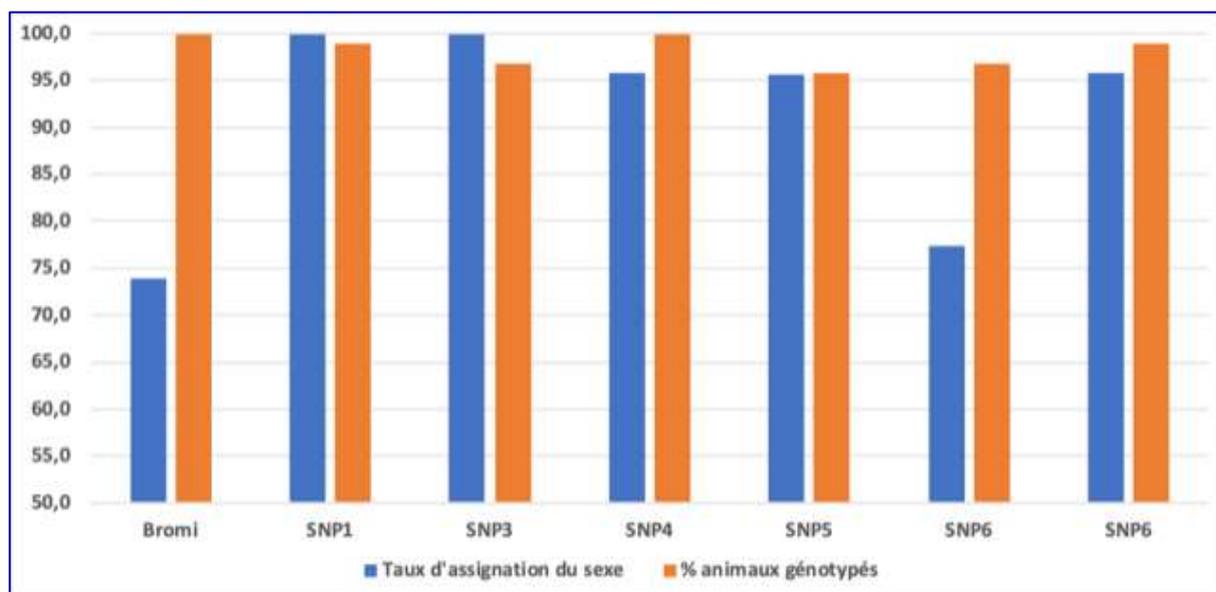


Figure 45 : Taux d'assignation du sexe et succès de génotypage pour 6 marqueurs SNP identifiés comme potentiels candidats pour un test de sexage génétique.

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, vont contribuer 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 besoins.

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. Les outils 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 libre de droit. Néanmoins, là encore ils ne sont pas utilisables en l'état et la réalisation d'un véritable travail de recherche est un préalable nécessitant tout à la fois de bonnes connaissances de programmation et des concepts de la génétique quantitative. Ceci pour simplement les rendre opérationnels sur nos jeux de données et les tester, avant d'en envisager une éventuelle transcription et intégration dans nos "pipelines" informatiques. 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

A - Logiciels de saisies des données : InfAvi et InfAqua

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 dédiés 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...

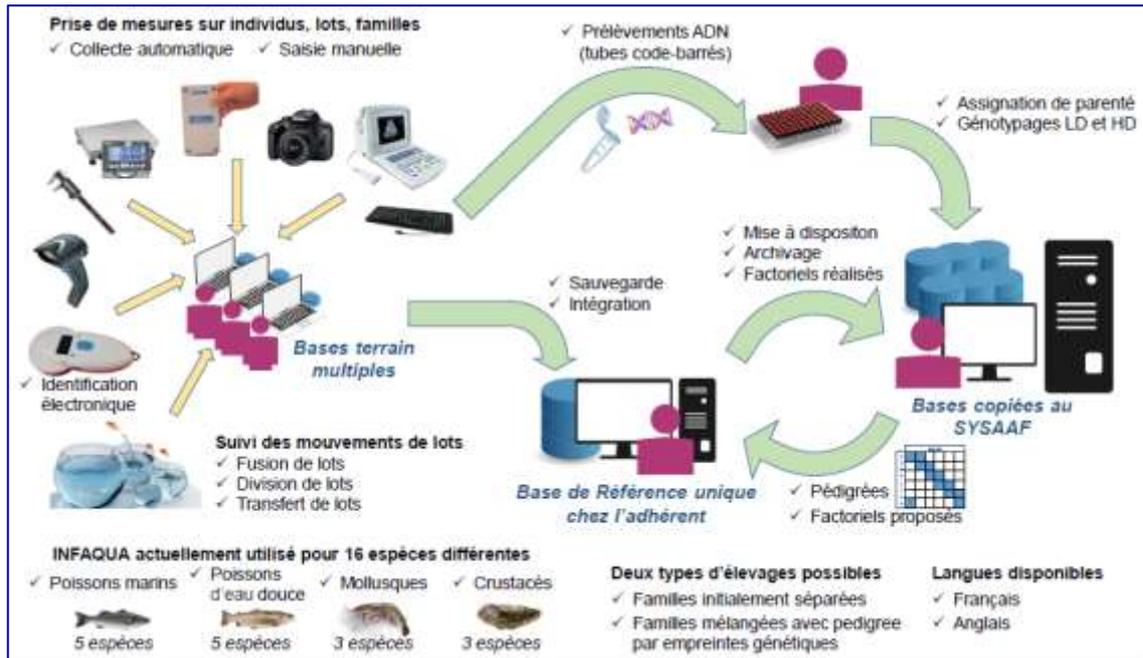


Figure 46 : Représentation schématique d'organisation de l'outil InfAqua

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'acquisition 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 (règle de mesure électronique connectée pour espèces piscicoles, dont il n'existe pas d'équivalent dans le commerce à ce jour)
- 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 2019, de nouvelles versions d'InfAvi (V9.9.5 à V9.9.9) et d'InfAqua (V8.062 à V8.070) 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 de sessions de formation au logiciel InfAqua (au printemps et à l'automne 2019), chacune d'une durée de 4 jours et demi, dispensées par le SYSAAF et ouvertes à tous ses adhérents, ayant permis de former 12 personnes.

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, mais il ne bénéficiera que d'un financement partiel du budget total, correspondant à la prestation 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 adaptées 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 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. Des visites de terrain ont aussi été réalisées chez certains adhérents au fonctionnement particulier afin de pouvoir mieux répondre à leurs besoins concernant un module de gestion de chantiers de reproduction.

Enfin, l'outil InfAqua a fait l'objet d'une présentation sous la forme d'un poster lors des 6èmes Journées de la Recherche Filière Piscicole en Juillet 2019.

B - Chaîne commune de traitement des données (KOALA)

Comme pour les outils précédents, il n'existe pas d'outil commercialement disponible permettant d'organiser le traitement des données expérimentales (indexation et accouplements raisonnés) et les collaborateurs en charge de ces traitements utilisent le plus souvent des procédures développées spécifiquement à l'aide de langages tels que R ou SAS, associées à la manipulation de nombreux fichiers. Cette approche empirique est la fois très chronophage et une source potentielle d'erreurs. Pour y pallier, une chaîne de traitement des données "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" (V2.10) 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 (PackOptiVar). 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 soit intégrées dans le soft de la chaîne de traitement par notre prestataire, ou couplées, sans y être intégrées, selon qu'elles affectent ou pas l'architecture 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 2019, 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 2.10) 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, thrigibbsf90),
- 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.

C - Evolutions majeures de la chaîne d'évaluation génétique

Les capacités de la chaîne d'évaluation génétique (KOALA) ont été enrichies avec de nombreuses nouvelles procédures (ANALYSE_OUTLIERS & ANALYSE_SEUILS_OUTLIERS, NORMALISATIO_DATA, NA_PATTERNS_ANALYSIS, REPORT_COMPARE_PROPSSEL, CONVERGENCE_VCE, NE_PEDIGREE, CONVERGENCE_REMLF90, 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.

D - 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 (GenOyster, Enez & Haffray, 2019)

E - Nouveaux serveurs et espaces de stockage au SYSAAF

Le serveur principal du SYSAAF (SYSAAF20) qui faisait office de serveur de base de données, mais aussi de serveur de calcul, ainsi qu'un serveur de calcul secondaire (SYSAAF14) arrivaient tous deux en fin de contrat de maintenance en 2019. De surcroît, ceux-ci ne répondaient plus aux besoins en termes de capacité de stockage et de calcul (Données génomiques et de séquençage, phénotypiques [images numériques, spectres, etc...], hébergement de la GED), alors que parallèlement l'INRAE supprimait ces serveurs locaux, dont celui utilisé par les salariés du site de Rennes. Par ailleurs, le dispositif n'était vraiment sécurisé puisque les sauvegardes restaient manuelles et surtout que le SYSAAF ne disposait pas de serveur de secours en cas de panne « majeure », alors que le temps de configuration d'un nouveau aurait pris plusieurs semaines.

Fort de ce constat, un groupe de réflexion a été mis en place début 2019, afin d'élaborer un cahier des charges pour envisager une refonte de la configuration des outils informatiques (hardware) permettant de répondre au mieux aux besoins du SYSAAF. Après renouvellement, le nouveau serveur devrait donc faire office de serveur de base de données mais aussi de serveur de calcul et 3 scénarii ont été envisagés :

1. Même configuration que précédemment avec un serveur à Nouzilly auquel les agents de Rennes accèdent via le réseau internet.
2. Délocalisation des serveurs chez un hébergeur extérieur
3. Duplication des serveurs, un à Nouzilly et un à Rennes avec un dispositif de synchronisation entre les deux.

Le premier scénario, plus simple et moins coûteux ne solutionnait pas le problème de la continuité de service en cas de panne. Il ne répondait pas non plus à une demande d'espace de stockage partagé pour les salariés de Rennes. Le second scénario s'est avéré excessivement onéreuse en comparaison avec l'achat d'un serveur. Le troisième scénario, compliqué à mettre en place et onéreux, demandait de surcroît des compétences minimales en administration des systèmes qui n'existent pas pour l'heure à Rennes. Aucun des 3 scénarii n'étant totalement satisfaisant, nous avons opté pour une solution combinant les scénarios 1 et 3, avec mise en place de NAS (Network Attached Storage, serveurs de stockage en réseau) à Nouzilly et Rennes :

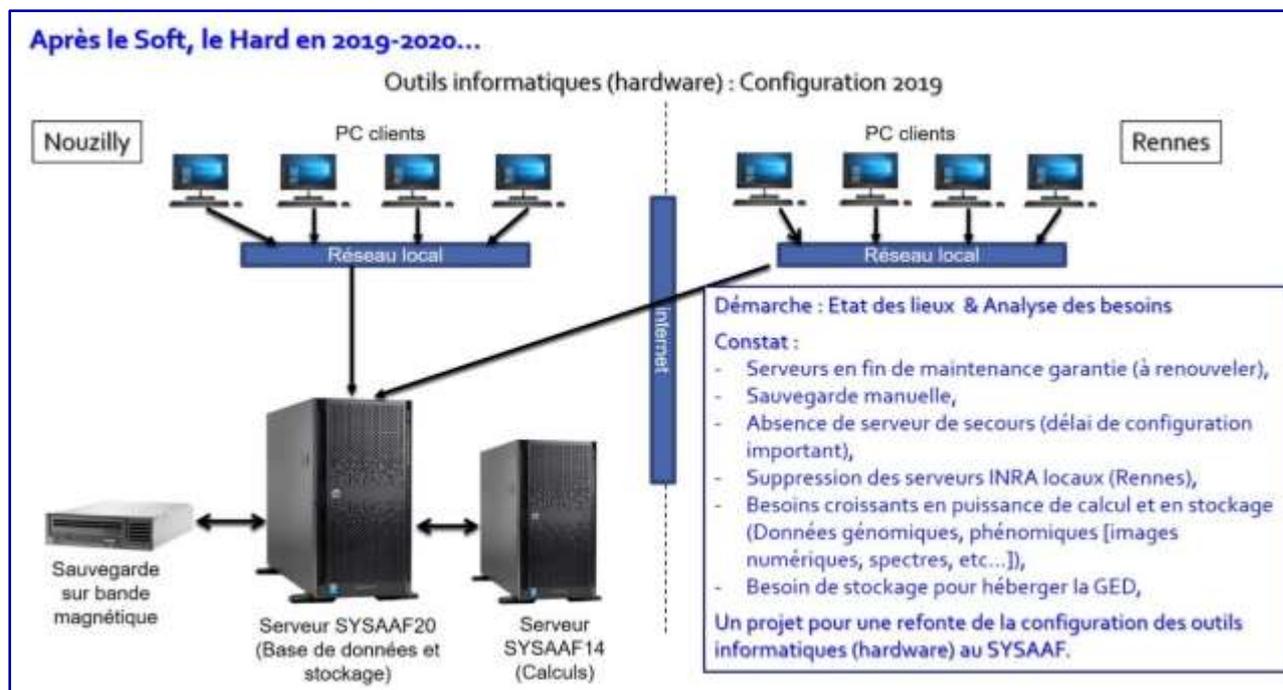


Figure 47a : Illustration de la configuration des serveurs du SYSAAF en 2019.

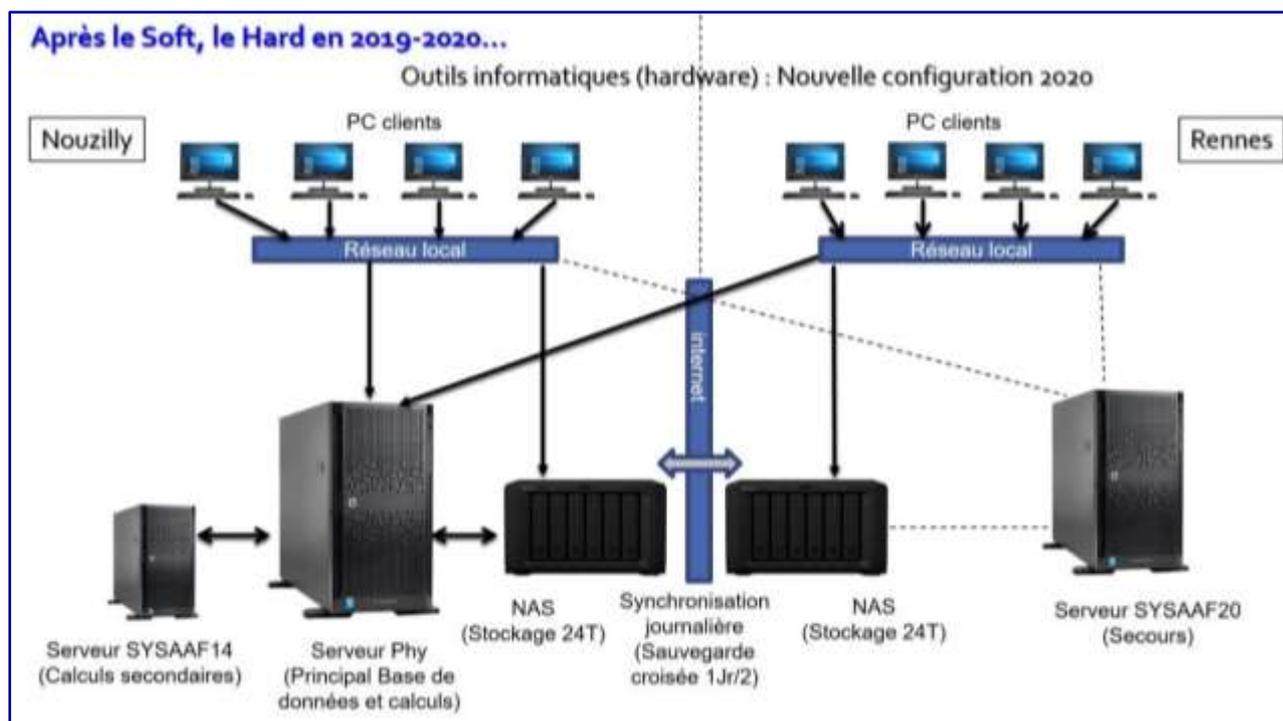


Figure 47b : Illustrations des évolutions de la configuration des serveurs du SYSAAF de 2019 à 2020.

Ce dispositif est aujourd'hui pleinement fonctionnel et surtout évolutif puisque des NAS complémentaires, peuvent être adjoints dès que le besoin apparaît.

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 ». Les 14 adhérents avicoles sont donc concernés par cette démarche. Les audits sont répartis à un rythme d'un tous les deux ans.

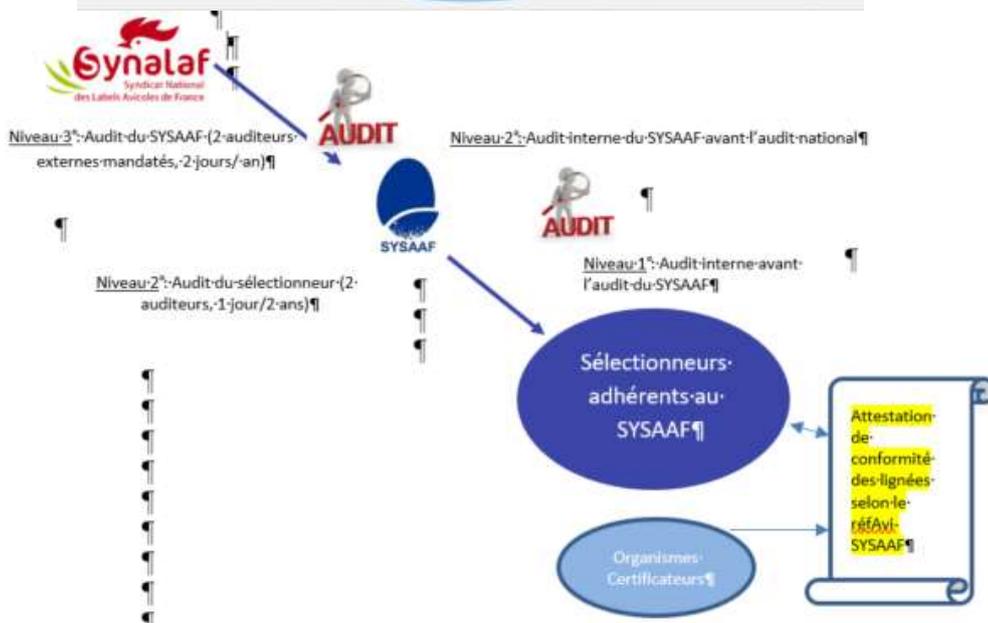


Figure 48 : Organisation fonctionnelle des audits avicoles pour la conformité des productions volailles de chair Label Rouge aux Conditions de Productions Communes de l'INAO depuis 2019 (Arrêté du 3 Avril 2019 NOR : AGRT1907623A & Annexe 1 BOMAA n° 2019-15).

Les lignées de volailles Label Rouge en production de chair et d'œufs doivent être certifiées conformes au RefAvi-SYSAAF. L'organisation des audits est définie dans une convention bipartite entre le SYSAAF et le SYNALAF. La nouvelle convention a été signée le 02 mai 2019. Le certificat de conformité au référentiel SYSAAF est contrôlé par les Organismes Certificateurs lors de leur audit annuel 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 2019, 7 audits ont été réalisés, et se sont déroulés de février à novembre 2019. Chaque audit mobilise 2 personnes, un auditeur qualitatif, et un auditeur généticien. M. Maxime Reverchon a fini sa formation à l'audit en tant qu'auditeur qualitatif en 2019 afin de pouvoir suppléer, en cas de besoin, Mme Frédérique Renard-Dewynter qui reste la responsable des Audits. M. Nabeel Alnahhas a réalisé un dernier audit avant son départ du SYSAAF en juillet 2019, et M. Roland Akakpo, son remplaçant, a pu assister à un audit en tant qu'observateur. Mme Marie-Agnès Bergeot, apprentie depuis septembre 2019, a pu également être observatrice lors d'un audit en octobre. Leur formation à l'audit sera complétée en 2020 par une formation de deux jours animée par M. Lionel 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) et de challenges à des pathogènes (Plateforme Fortior-Genetics).

Au 2nd semestre 2019, le SYSAAF a recruté un physicien, spécialisé en spectrométrie, pour le mettre à disposition de la plateforme SIR-ScanMAT associant le CNRS et l'Université de Rennes 1, prélude à la mise à disposition d'un nouveau service de prestation mettant en œuvre les technologies du proche infra-rouge (RAMAN, NIR).

En 2019, 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.

4-3 Service analyse de ploïdie chez les espèces aquacoles

Ce service permet aux adhérents du secteur aquacole, non équipé d'un cytomètre en flux, de valider le niveau de ploïdie de leurs lots de production, c.à.d. le plus souvent qu'ils sont bien triploïdes et donc stériles. En 2019, le service d'analyse de ploïdie au SYSAAF a été sollicité par 3 adhérents pour environ 8500 individus, représentant 179 heures de travail cumulé (Annexe 8). Ceci en dépit d'une suspension du service d'analyse de ploïdie, le temps de racheter un cytomètre de flux, suite à une panne du précédent modèle que nous ne pouvions plus faire réparer. 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 fario, du saumon de fontaine et de l'esturgeon sibérien. A l'avenir, les œufs étant trop riches en lipides pour le type d'appareil acheté et aucun ne permettant de combiner les 2, le SYSAAF ne pourra plus assurer ce service pour ce matériel biologique.

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 3 doctorants bénéficiant de financement de thèse CIFRE au cours de l'année 2019, plus un 4^{ème} recruté en Novembre 2019 (Annexe 7).

Depuis 2012, D. Guémené est également tuteur dans le cadre des formations Better Training for Safer Food (BTSF) SANCO Training destinées aux autorités compétentes des pays européens et organisées à l'initiative de la Commission Européenne qui les finance. L'objectif est que les autorités compétentes des pays européens concernées par la mise en application des textes réglementaires au sein des états membres, comme les directives dans le domaine du bien-être, en aient une vision harmonisée. Les 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 2019.

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 4). 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 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.

4-7 Service administratif et financier.

Le service est composé de deux postes à temps-plein, un poste d'Attachée de direction et un poste d'assistante de gestion administrative dont pratiquement la moitié du temps de travail est consacrée à la

gestion administrative et un tiers à la gestion des ressources humaines. Néanmoins, l'ensemble des agents est ponctuellement concerné par des activités relevant de ce service, en particulier Daniel Guémené en tant que Directeur, ainsi que Pierrick Haffray pour des dossiers concernant plus spécifiquement le secteur aquacole et Frédérique Renard-Dewynter pour ceux concernant la communication et les outils collectifs de management.

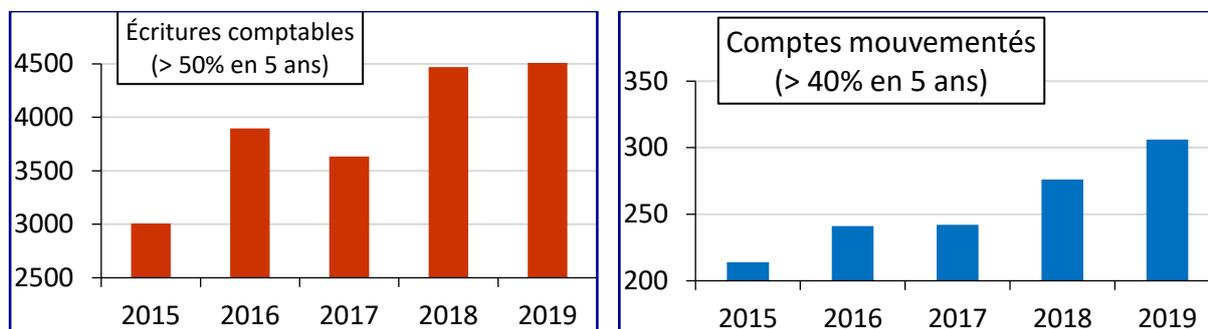


Figure 49 : Evolution du nombre d'écritures comptables passées et de comptes mouvementés par le service administratif et financier du SYSAAF depuis 2015.

Outre les outils de gestion du temps qui permettent de quantifier finement la répartition du temps passé aux différentes activités (Cf. Annexe 10), quelques indicateurs permettent d'en apprécier l'évolution. Le nombre de lignes d'écritures comptables enregistrées en un premier. Celui-ci est d'ailleurs restée relativement stable avec 4526 lignes en 2019 versus 4471 en 2018, mais par contre celui-ci a augmenté de plus de 50% en 5 ans (3008 en 2015). Concernant un 2nd, le nombre de comptes mouvementés, il a été de 306 en 2019, pour 276 en 2018. L'augmentation sur un an reste donc importante puisque d'environ 10% et de 43% en 5 ans (214 en 2015). Au-delà des seules activités comptables, ces indicateurs illustrent bien l'importante augmentation du volume globale des activités des services administratifs et financiers au cours de ces dernières années, avec en fait notable en 2019, la mise en place effective du fameux prélèvement à la source. L'augmentation progressive résulte néanmoins essentiellement de l'importance des activités d'appui technique et de R&D, avec pour corollaire des besoins accrus en personnel scientifique et technique, mais également administratif. En dépit d'une efficacité certaine, le temps nécessaire à la gestion administrative et financière des programmes de R&D a beaucoup augmenté, représentant près d'une journée de travail hebdomadaire pour le personnel administratif, auquel il faut adjoindre celui des salariés, responsables de site, chefs de projet et du directeur. En effet, les salariés du SYSAAF sont impliqués simultanément dans près d'une quarantaine de programmes de recherche cofinancés, dont environ la moitié en tant que porteur, avec l'obligation de coordonner et transmettre des états intermédiaires et des rapports financiers et scientifiques finaux, certifiés par un Commissaire aux Comptes, se déroulant sur plusieurs millésimes chevauchants.

Au regard du nombre de programmes de recherche en cours, notamment ceux pour lesquels le SYSAAF est porteur, de la multitude de partenaires et de rapports à fournir, le respect des échéances par l'ensemble des acteurs est impératif, mais malheureusement loin d'être systématique, en dépit de nombreuses relances !

V - Partenariats du SYSAAF

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

5-1 Les partenariats institutionnels

Nos interactions avec 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 2, a été renouvelé pour la période 2018-2022. Cette liste des espèces (Tableau 3) 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" créée par Arrêté (A paraître) 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. Il est toutefois à déplorer que n'y sont pas actuellement représentés les interprofessions CNPO (Filières pondeuses), CIFOG (Palmipède gras) et InterproChasse (Gibiers avicoles (Faisans (2 espèces), perdrix grises et rouges, caille des blés), ainsi que d'autres filières concernant les espèces caille japonaise, pigeon, crevettes (4 espèces) ou encore les insectes, autant d'espèces-filières entrant dans le champ de la délégation accordée au SYSAAF et représentant plus de 50% de son activité d'appui technique.

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 (Figure 50).

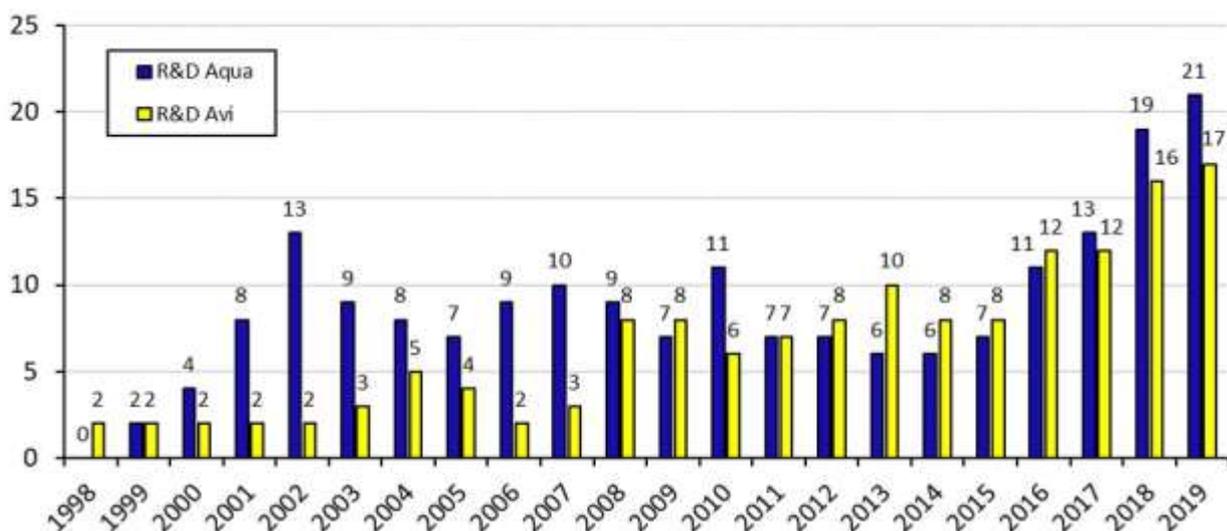


Figure 50 : Evolution du nombre de programmes de recherche et développement annuels ou pluriannuels, en cours annuellement au SYSAAF depuis 1998.

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 des programmes de recherche. Concrètement, les ingénieurs du SYSAAF, au nombre de 15 fin 2019 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 2019, 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) occupent 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 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 et 2019 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. Parallèlement, une ingénieure embauchée en CDI par le SYSAAF est mise à disposition de l'ANSES pour coordonner la réalisation d'expérimentations de phénotypage pour la résistance à des pathogènes chez les espèces piscicoles. Ces expérimentations sont réalisées sur la plateforme expérimentale Fortior-Genetics, basée au sein de l'Unité de Pathologie Virale des Poissons de l'ANSES sur le site de Plouzané. 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 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. Une demande pour un 5^{ème} financement de thèse CIFRE auprès de l'ANRT est en cours de montage sur une thématique concernant les biotechnologies de la reproduction chez les espèces avicoles.

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 2019, sachant que 4 supplémentaires ont été soumis et 3 acceptés en 2018.

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 depuis 2019, la plateforme de spectrométrie SpecGen au sein de l'unité CNRS SIR-ScanMat sur l'Université de Rennes 1. Un ingénieur a également été mis à disposition de cette plateforme 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 SNP GC 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...).

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 et AgriSudOuest, DREAM ; autant de pôles qui labellisent parfois certains de nos projets de R&D préalablement à leur soumission à certains AAP.



Figure 51 : Unités INRA, Ifremer, Anses, CNRS et ITAVI avec lesquelles le SYSAAF a eu des partenariats scientifiques significatifs dans les secteurs avicole et aquacole en 2019

VI - De 2019 à 2020... Quelles perspectives pour le SYSAAF ? par D. Guémené.

Au moment de rédiger ces lignes, dans un contexte si particulier de crise sanitaire et de confinement en raison de la pandémie de Covid-19, les perspectives pour le SYSAAF au-delà de 2020 sont purement spéculatives. Les salariés sont néanmoins mobilisés et restent fidèles à la devise du SYSAAF qui est "*Gérer le quotidien et anticiper l'avenir*". En télétravail, ils ont été à l'écoute pour répondre au mieux aux besoins spécifiques à court et moyen termes de chacun des adhérents, mais également pour anticiper les échéances et se projeter.

La nature et la qualité de l'appui technique qui est apporté au quotidien et la capacité à répondre dans les meilleurs délais aux besoins croissants, tant qualitativement que quantitativement, des adhérents et des partenaires reposent sur la diversité des compétences disponibles. Dans ce contexte d'expansion progressive des besoins, le renouvellement des compétences et l'augmentation du nombre de salariés au SYSAAF est donc à mes yeux un gage des capacités du SYSAAF à y répondre et l'un des faits les plus marquants de l'année 2019. Le seuil des 25 salariés présents simultanément a pour la 1^{ère} fois été atteint, illustrant à mes yeux un dynamisme jamais égalé auparavant, d'autant que la dynamique se poursuit en 2020.

Pourtant comme les années précédentes, 2019 a vu le départ de salariés ; en l'occurrence ceux de Mme Carole Blay et M. Nabeel Alnahhas que nous remercions pour leur investissement respectif. Bien que leurs départs aient été compensés par les recrutements en CDI de trois ingénieurs, Roland Akakpo, Mathieu Besson et Christophe Eklouh-Molinier, tous 3 titulaires d'une thèse, certaines de leurs compétences nous font encore défaut aujourd'hui, en particulier en génétique quantitative. Chacun de ces 3 salariés a toutefois apporté des compétences nouvelles sur des thématiques de génomique, d'efficacité alimentaire, ou encore en de spectrométrie Raman et proche infra-rouge. Des compétences qui je n'en doute pas sont riches de promesses pour le développement de nouveaux services, par exemple dans le cadre de plateformes de service (GWAS, SpecGen, Puces de génotypage multiespèces MultiPass-SYSAAF). En outre, le SYSAAF a procédé à cinq recrutements complémentaires en CDD, 3 ingénieurs, Marc Tessier, Hans Schrieke et Gaëtan Labbé, une apprentie, Marie-Agnès Bergeot, et un 4^{ème} doctorant, Antoine Jourdan. Nul doute que ces 8 nouveaux recrutés, après avoir été bien intégrés et formés à nos outils et méthodes, ont d'ores et déjà contribué au dynamisme et à l'excellence du SYSAAF. Une augmentation des ressources humaines disponibles qui a conduit à poursuivre la structuration organisationnelle du SYSAAF, tant sur le plan humain que matériel.

Outre leur mission quotidienne d'appui technique auprès des adhérents, les salariés du SYSAAF ont été impliqués dans une 40^{aine} de programmes de recherche et développement, ainsi que dans des activités de R&D pour des besoins internes ou d'appui technique spécifiques pour nos adhérents. Fort des compétences présentes, dont 4 doctorants, le SYSAAF a plus que jamais été présent sur les fronts de science, afin d'en faire bénéficier au mieux ses adhérents pour qu'ils puissent rester compétitifs avec la concurrence internationale. Le SYSAAF a en particulier su répondre présent aux nombreux adhérents souhaitant tirer profit de la mise au point d'outils génomiques et mettre en place des programmes de sélection génomique et de nouvelles méthodes de phénotypage, sans pour autant délaisser les autres ayant des objectifs différents.

On constate également que la nature de l'appui technique apporté aux adhérents continue de se diversifier, tant qualitativement que quantitativement, devenant de fait plus chronophage. Ainsi, si le nombre de lignées reste assez stable, les nombres de données enregistrées et stockées, de caractères sélectionnés et de sessions de traitement réalisées pour chaque lignée s'accroît. La nature des caractères se diversifie également, avec l'utilisation de nouveaux outils et méthodes de phénotypage ou encore le recours aux techniques et outils de la génomique et/ou de l'électronique, de l'analyse d'image et du numérique. Ces nouveaux outils sont le plus souvent développés dans le cadre de programmes de recherche impliquant les adhérents. Le SYSAAF a ainsi été à l'origine de plusieurs 1^{ères} mondiales avec le développement de puces de génotypage haute et/ou moyenne densité pour les 2 espèces de canards, le bar et la daurade. De ce fait, de 1^{ères} indexations génomiques ont aussi pu être immédiatement réalisées chez plusieurs espèces dans le cadre de programmes expérimentaux et/ou de programmes de sélection commerciaux. En conclusion, passant du rêve à la réalité, la rupture technologique associée à la mise en place de programmes de sélection génomique est en cours pour plusieurs espèces chez différentes entreprises adhérentes ; entreprises dont certaines sont aujourd'hui totalement dépendantes de l'appui technique que le SYSAAF leur apporte.

C'est dans ce contexte que furent organisées en novembre dernier, les 2^{ndes} Journées Techniques de la Génomique du SYSAAF, soit 4 ans après les 1^{ères} Journées, à l'issue desquelles la décision d'engager le SYSAAF dans la maîtrise des outils et méthodes de la génomique avait été prise. Nul doute que le nombre, la diversité et la qualité des communications données auront convaincu, si besoin était, les très nombreux participants, et que les salariés du SYSAAF, fidèles à notre devise, ont su relever le défi.

Concernant les aspects matériels, je retiendrais deux faits marquants complémentaires concernant le renforcement et la sécurisation des capacités de calcul et de stockage, des données et des documents ; avec la mise en place opérationnelle d'un outil de Gestion Electronique des Documents (GED) auquel les salariés aspiraient depuis maintenant plusieurs années et le redéploiement des serveurs de stockage des données et de calcul, accompagnés de l'installation de deux NAS, en doublon sur les sites de Nouzilly et Rennes. Ces serveurs et NAS permettent dorénavant de pallier à une éventuelle panne majeure de nos outils informatiques. Après avoir mené à bien la gestion de ce dossier du "Hard" en 2019, le SYSAAF doit maintenant revenir à celui du "Soft" en 2020, pour progressivement mener à bien la transcription des nombreux logiciels « maisons » écrits en Fortran, un langage compréhensible de seuls quelques généticiens, mais incompréhensible pour les informaticiens. Il faudra pour se faire envisager de recruter des compétences spécifiques tout en ayant recours à un appui technique de notre prestataire informatique. A l'issue de cette phase de transcription, il sera plus facile pour les salariés d'y apporter des adaptations et/ou corrections afin, par exemple, de corriger des dysfonctionnements pouvant apparaître lors de recompilation de certains de nos logiciels ne fonctionnant plus aujourd'hui que sur nos anciens serveurs. Ces deux exemples illustrent la volonté constante au sein du SYSAAF de sécuriser l'accès aux outils et aux informations afin de ne pas être mis en défaut par rapport aux attentes des adhérents.

Outre celui de sécurisation, nombreux sont les enjeux pour le futur. Ainsi, de nouvelles compétences devront être acquises, soit en interne par la formation ou via des recrutements pour pouvoir répondre aux besoins pour l'optimisation des programmes de sélection génomique, le développement de puces de génotypage moyenne densité multiespèces et/ou spécifiques, l'exploitation des données de génotypage (GWAS), l'utilisation du Machine Learning, le développement de méthodes de phénotypage par spectrométrie, etc... Nouveaux enjeux qu'il faut coupler avec ceux de la diversification des espèces, en particulier, les insectes avec l'arrivée d'un 2nd adhérent pour la mouche soldat noire et potentiellement l'abeille, les auxiliaires entomocoles des cultures, ou encore les huîtres perlières.

L'année 2020 sera également une échéance importante pour rappeler et/ou repositionner le rôle et les missions du SYSAAF auprès de nouveaux interlocuteurs au sein des différentes directions du Ministère en charge de l'Agriculture et de FranceAgriMer, notamment dans le contexte de la substitution des CNAG, par la Commission Thématique Interfilière (CTI) "Ressources Zoogénétiques" et des Groupes de travail thématiques, ainsi que de la redéfinition des objectifs pluriannuels (2021-2025) du Programme National de Développement Agricole et Rural dans lequel s'inscrit le "Programme pluriannuel du Progrès Génétique Animal CASDAR 775". Des démarches complémentaires devront également être envisagées pour clarifier le positionnement du SYSAAF vis-à-vis de l'ITAVI, dont nous sommes délégués, mais aussi d'autres instituts techniques. En premier lieu l'IFIP avec lequel nous partageons des problématiques communes liées à la génétique et/ou la génomique, mais également aux méthodes de phénotypage haut-débit, ainsi qu'à la gestion de programmes de sélection d'espèces utilisées en croisement. En concertation avec le Ministère en charge de l'Agriculture, des contacts devront également être établis avec l'ITSA et l'interprofession apicole (Apipro), pour envisager une éventuelle implication du SYSAAF sur les problématiques apicoles en partenariat avec ses structures et l'INRAE.

Enfin, placé au 1^{er} rang de leur priorité par les administrateurs pour 2020, le recrutement d'un directeur est à l'ordre du jour... Une 1^{ère} au SYSAAF, puisque les 4 précédents en dépit de statuts variés, ont tous été mis à disposition par l'INRA.

En effet, après plus de 12 ans à la direction du SYSAAF, je souhaite mettre fin à mes fonctions de directeur, afin de faire valoir mes droits à la retraite. Mon expérience professionnelle à la direction du SYSAAF fut, en dépit d'aléas et d'embûches, une aventure extrêmement des plus riches et enthousiasmantes qui, si elle paraît *a posteriori* s'inscrire naturellement dans la continuité de ma carrière, en accord avec mon intérêt pour des thématiques finalisées, n'allait pourtant pas de soi. Je remercie donc l'INRA, en particulier sa Présidente Directrice Générale de l'époque, Madame Marion Guillou, qui fin 2007 m'a fait proposer cette opportunité

par l'entremise de M. Philippe Chemineau (Chef de Département PHASE), opportunité que j'avais dans un premier temps refusée. Des discussions avec plusieurs des adhérents du SYSAAF lors de mon passage au SPACE m'ont alors fait changer d'avis.

Une expérience passionnante au cours de laquelle, j'ai tant bien que mal essayé de faire nôtre les mots de Georges Bernanos... Au SYSAAF, **"on ne subit pas l'avenir, on le fait"**.

On me dit souvent que le SYSAAF n'est plus le même et j'ai la faiblesse de penser que c'est un compliment. Néanmoins, seul, je n'aurai rien pu faire et je remercie sincèrement tous les collaborateurs, les 24 actuels et tout particulièrement les 3, Mme Rosine Richer et Ms. Benoît Desnoues et Pierrick Haffray, qui m'ont accompagné tout au long de cette aventure collective, mais également une 15^{aine} qui ont fait un bout de chemin plus ou moins long avec nous, les 5 présidents et la 30^{aine} d'administrateurs avec lesquels j'ai successivement travaillé dans le cadre du conseil d'administration, ainsi que l'ensemble des adhérents et les nombreux partenaires académiques, institutionnels ou du secteur privé; ils ont tous à des degrés divers contribué à faire du SYSAAF, cette "Arche de Noé" qu'il est devenu aujourd'hui et qui vogue toutes voiles dehors.

Au nouveau directeur, je souhaite réussite pour poursuivre le développement et la diversification du SYSAAF et il peut compter sur une équipe formidable pour affronter l'avenir teinté d'incertitudes dans ce contexte malencontreux de crise sanitaire.

Merci pour tout...



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

1 - Coordonnées des adhérents piscicoles du SYSAAF

Nom de l'adhérent	Statut	Espèces sélectionnées	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
<p>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.com lesfontaines@charlesmurgat.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Truite arc en ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>), Truite fario (<i>Salmo trutta</i>) & Omble chevalier ou alpin (<i>Salvelinus alpinus</i>)</p>	<p><i>Pdt :</i> M. Vincent Murgat <i>Dir :</i> M. Roman Murgat</p>	<p><i>Responsable production :</i> M. Philippe Hocdé</p>
<p>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-emg.fr gloriamarisgroupe.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Bar (<i>Dicentrarchus labrax</i>)</p>	<p><i>Pdt :</i> M. Philippe RIERA <i>DG adj :</i> M. Bruno Peyrou</p>	<p><i>Directrice de production:</i> Mme Aline Bajek <i>Resp sélection :</i> M. Joseph Brunier</p>
<p>L'ESTURGEONNIÈRE (S.A.S.) Balanos - Route de Mios - 33470 Le Teich Tél : 05 56 22 69 67 Fax : 05 56 22 69 info@caviarfrance.com www.caviar-perlita.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Esturgeon Sibérien (<i>Acipenser baerii</i>)</p>	<p><i>Pdt :</i> M. Michel Berthommier</p>	<p><i>Responsable sélection :</i> M. Emmanuel Bonpunt</p>
<p>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.com www.groupeaqualande.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Daurade Royale (<i>Sparus aurata</i>) & Bar (<i>Dicentrarchus labrax</i>)</p>	<p><i>Directeur :</i> M. Jean-Sébastien Bruant</p>	<p><i>Responsable sélection :</i> Mme Sophie Cariou</p>
<p>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.com alliance-du-gout@franceturbot.fr</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Turbot (<i>Scophthalmus maximus</i>)</p>	<p><i>Directeur :</i> M. Franck Brossard</p>	<p><i>Responsable de secteurs :</i> Mme Marie Villa</p>

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
MILIN NEVEZ (S.A.S.) Groupe LES AQUACULTEURS BRETONS (S.C.A.) et BRETAGNE TRUITE (S.A.R.L.) 180 route de Plougonven ZI de Kerbriant 29610 Plouigneau Tél : 02 98 67 75 15/ 02 96 11 95 90 Fax : 02 98 79 87 58 www.bretagne-truite.fr	Sélectionneur 	Truite arc-en-ciel <i>(Oncorhynchus mykiss)</i>	PDG : M. Patrice Morvan	Responsable sélection: M. Alexandre Desgranges Directeur Technique : M. Jean Ruche
LUCAS PERCHES (S.A.S.) Le moulin de Cany 57170 Hampont Tél : 03 87 86 61 www.lucasperches.fr www.lucasperchesarl@orange.fr	Sélectionneur 	Perche <i>(Perca fluviatilis)</i>	Directeur : M. Guillaume Boucaud	Responsable sélection: Mme Federica Ferrando
LES POISSONS DU SOLEIL (S.C.E.A.) Groupe AQUALANDE (S.A.S.) 1 rue des Timarans 34540 BALARUC-LES-BAINS Tél : 04 67 48 56 77 Fax : 04 67 48 94 12 www.poissons-soleil.com contact@poissons-soleil.com	Sélectionneur 	Maigre <i>(Argyrosomus regius)</i>	PDG : M. Vincent Jacquot Gérant : M. Philippe Balma	Responsable sélection: M. Frédéric Ventre
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	Sélectionneur 	Truite arc-en-ciel <i>(Oncorhynchus mykiss)</i>	PDG : M. Vincent Jacquot	Gérant: M. Emmanuel Mazeiraud
STURGEON (S.A.S.) Groupe KAVIAR (S.A.S.U) Pisciculture du Carillon 17240 Saint-Fort-sur-Gironde Tél: 05 57 34 45 40 www.sturia.com info@kaviar.com	Sélectionneur 	Esturgeon Sibérien <i>(Acipenser baerii)</i> Esturgeon osciètre <i>(Acipenser guldenstatii)</i>	Pdt : M. Alexandre LEROY DG : M. Laurent Duleau	Responsable R & D : M. Bastien Debeuf

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
VIVIERS DE SARRANCE (S.A.S.) Pisciculture Labedan 64490 Sarrance Tél : 05 59 34 55 11 Fax : 05 59 34 55 49 www.oeufsdetruite.fr office@sarrance.com	Sélectionneur 	Truite arc en ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>)	Directeur : M. Frédéric Cachelou	Responsable technique: Mme. Ana Acin

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

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
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	Écloseur 	Saumon sauvage (<i>Salmo salar</i>)	Pdt : M. Alain Guillaumie Directeur : M. Stéphane Lucas	Chargé de missions (programme de restauration du saumon sur la Garonne) : M. Stéphane Bosc

3 - Coordonnées des adhérents conchylicoles du SYSAAF

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
FRANCE HALIOTIS (S.A.S.) 70 Aod Kerazan Vihan - 29880 Plouguerneau Té : 02 98 37 17 39 www.francehaliotis.com www.abalonebretagne.com contact@francehaliotis.com	Sélectionneur 	Ormeau Européen (<i>Haliotis tuberculata</i>)		Gérant: M. Sylvain Huchette Ingénieur R & D: M. Sébastien Lachambre
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.fr	Sélectionneur 	Huître creuse (<i>Crassostrea gigas</i>)	Gérant : M. Charles Beaulieu DG : M. Laurent Terrien	Directeur de production: M. Fabrice Massi
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.satmat.fr	Sélectionneur 	Huître creuse (<i>Crassostrea gigas</i>) Palourde japonaise (<i>Ruditapes philippinarum</i>)	Pdt : M. Olav Goelet DG : M. Bertrand Du Mesnildot	Responsable sélection: Mme Émilie Vétois

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
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>)	Gérant : M. Stéphane Angeri	Responsable production : M. Frédéric Chenier

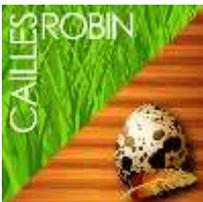
4 - Coordonnées des adhérents crevetticoles du SYSAAF

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
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>)	DG : M. Adrien Rivaton	Coordinatrice des expérimentations - : Mme Maëlle Thillier Directeur de la station expérimentale CTA: M. Cédric Grouhel
Blue Genetics Groupe Grimaud 3 La Corbière - Roussay 49450 Sèvremoine Tél. +33 (0)2 41 70 36 90 blue-genetics.com		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 /aquapesca	Sélectionneur 	Crevette tigre (<i>Penaeus monodon</i>)	PDG : Mme Azmina Goulamaly Directeur : M. François Grosse	
R&O SEAFOOD GASTRONOMY (S. A. S.) 1 avenue des Savoies 94150 Rungis Tél : 01 45 12 70 04 Fax : 01 45 12 59 23 www.rno.fr mathias/ismail@rno.fr	Sélectionneur 	Crevette tigre (<i>Penaeus monodon</i>)	DG : M. Mathias Ismail	Responsable des programmes R&D, domestication, sélection génétique: Mme Mélanie Sahuquet

5 - Coordonnées de membres associés du SYSAAF

Nom	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
<p>DIRECTION DES RESSOURCES MARINES (DRM) – Polynésie</p> <p>Immeuble Lecaill – Fare-Ute BP 20 98713 Papeete Tél : (689) 40 50 25 50 – Fax : (689) 40 43 49 79</p> <p>www.ressources-marines.gov.pf drm@drm.gov.pf</p>	<p>Membre associé Sélectionneur</p> 	<p>Huitre perlière (<i>Pinctada Margaritifera</i>)</p> <p>Crevette bleue (<i>Litopenaeus stylirostris</i>)</p>	<p>Directeur : M. Cédric Ponsonnet</p>	<p>Responsable des programmes R & D en aquaculture M. Moana Maamaayuaiahutapu</p> <p>Responsable des programmes R & D en aquaculture: M. Moana Maamaayuaiahutapu</p>

Annexe 2 : Coordonnées des adhérents avicoles du SYSAAF au 1^{er} janvier 2020

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
<p>AS.POUL.BA – (ASSOCIATION POUR LA SAUVEGARDE DE LA POULE DE BARBEZIEUX) Mm Nicole Billon (Trésorière et secrétaire) Le Maine à Bilhou - 16300 Saint-Aulais-la-Chapelle Tél : 05 45 78 38 80 Port : 06 85 55 19 55 aspoulba@orange.fr www.terredesaveurs.com</p>	<p>Sélectionneur Lignée à diffusion limitée traitée à façon</p> 	<p>Poulet de Barbezieux <i>Gallus</i></p>	<p><i>Pdt :</i> M. Gilbert Marchand</p>	<p>Responsable technique génétique CSB: M. Grégory Vasse Centre sélection de Béchanne http://centrebechanne.fr/contact/ 1950 chemin de Béchanne 01370 Saint-Étienne-du-Bois 04 74 30 50 48</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 wwwcailles-robin.fr</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Caille japonaise (<i>Coturnix japonica</i>)</p>	<p><i>PDG :</i> M. Guy Prod'Homme</p>	<p><i>Responsable sélection:</i> M. Matthieu Bourmaud</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.eu</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Caille japonaise (<i>Coturnix japonica</i>)</p>	<p><i>Directeur :</i></p>	<p><i>Technicien:</i> Nicolas Dameron Nathalie Muzotte</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.fr www.centrebechanne.fr</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Poulet de Bresse & Races locales (<i>Gallus</i>)</p>	<p><i>Gérant :</i> M. Gilbert Limandas</p>	<p><i>Directrice :</i> Mme Florence Petitjean <i>Responsable sélection:</i> M. Grégory Vasse</p>
<p>GALOR (S.A.S.) Groupe GRIMAUD Z I 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><i>DG:</i> M. Enrique Pellejero</p>	<p><i>Responsable sélection:</i> M. Pascal Jamenot</p>

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
<p>GEN'ETHIC (S.C.E.A.) Groupe GIBOVENDÉE Zone artisanale La Barboire Rue des Laborantes 85500 Chambretau Tél : 02 51 91 52 54</p> <p>www.gibovendee.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Faisan <i>(Phasianus colchicus)</i> Perdrix rouge <i>(Alectoris rufa)</i></p>	<p><u>PDG</u> : M. Denis Bourasseau</p>	<p><i>Gérant:</i> M. Serge Tricoire</p>
<p>GOURMAUD SÉLECTION (S.A.S.) Groupe ORVIA La Seigneurtière – Saint-André-Treize-Voies 85260 Montréverd Tél : 02 40 02 02 00 Fax : 02 40 02 02 07</p> <p>contact@orvia.fr www.orvia.fr</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><i>Pdt</i> : M. Benoit Gourmaud</p>	<p><i>Directeur Général opérationnel</i> : M. Bernard Alletru</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</p> <p>grimaudfreres@grimaudfreres.com www.grimaudfreres.com</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><i>Pdt</i> : M. Frédéric Grimaud <i>DG</i>: M. Jean-Marc Pinsault <i>Directeur</i> : M. Yann Le Pottier</p>	<p><i>Directrice R&D:</i> Mme Magali Blanchet <i>Sélection Canard Pékin:</i> M. Guillaume Le Mignon <i>Sélection Canard de Barbarie :</i> Mme Aline Alinier <i>Sélection Oies :</i> Mme Typhanie Ruer</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</p> <p>https://www.hendrix-genetics.com/fr/selection-animale/dindons/</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Dinde Fermière <i>(Meleagris gallopavo)</i></p>	<p><i>DG</i> : M. Laurent Souti</p>	<p><i>Sélection dinde :</i> <i>Responsable élevage R&D</i> M. Patrice Etourneau <i>Technicien</i> M. Fabrice Auzureau</p>

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – directeur général	Correspondant SYSAAF
<p>HUBBARD (S.A.S.) Groupe Aviagen Mauguérand – BP 169 – 22800 Le Foeil Tél : 02 96 79 63 70 Fax 02 96 74 04 71 contact.emea@ hubbardbreeders.com www.hubbardbreeders.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Poulet de chair <i>Gallus</i> (Croissance lente & conventionnel)</p>	<p>DG : M.Olivier Rochard</p>	<p>Directeur R & D : M. Frédéric Fagnoul La Berjaterie 89330 Saint-Loup-d'Ordon frederic.fagnoul@ hubbardbreeders.com</p>
<p>I S A (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.com www.hendrix-genetics.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Poule pondeuse <i>Gallus</i> (œufs blancs et colorés)</p>	<p>DG : M. Fabien Galéa</p>	<p>Responsable sélection: Mme Maïlys Faure</p>
<p>NOVOGEN (S.A.S.) Groupe GRIMAUD Parc d'activité des Châtelets Secteur du Vau Ballier 5 rue des Compagnons – 22960 Plédran Tél : 02 96 58 12 60 Fax 02 96 58 12 61 contact@novogen-layers.com www.novogen-layers.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Poule pondeuse <i>Gallus</i> (Œufs blancs et colorés)</p>	<p>DG : M.Mickaël Le Helloco</p>	<p>Directeur R&D : M. Thierry Burlot</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 sass@hendrix-genetics.com www.sasso.fr</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Poulet de chair (Croissance lente) <i>Gallus</i></p>	<p>Directeur Général: M. Laurent Salles</p>	<p>Responsable sélection: M. Thierry Arbeau</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.urgcentre.fr</p>	<p>Collectif d'associations de races à diffusion limitée.</p> 	<p>Races locales de volailles : <i>Gallus</i></p>	<p><i>Pdt :</i> M. Paul Renault</p>	<p>Mme Fanny Moyse</p>
---	---	--	---	-------------------------------

Annexe 3 : Coordonnées des adhérents entomocoles du SYSAAF au 1^{er} janvier 2020

Nom	Statut	Espèce sélectionnée	Président –Directeurs Généraux	Correspondant SYSAAF
<p>Innovafeed 85 rue de Maubeuge, 75010 Paris Tél : 01 84 60 50 09 Innovafeed.com</p>		<p>Mouche Soldat Noire (<i>Hermetia illucens</i>)</p>	<p><i>M. Clément Ray Mme Aude Guo et M. Bastien Oggeri</i></p>	<p><i>Directeur de la R&D : M. Maxime Lefranc Chargée de la sélection : Mme Alexandra Guigue</i></p>

Annexe 4 : Liste des programmes expérimentaux de Recherche et Développement impliquant le SYSAAF en 2019.

Secteur Aquacole	Page	Secteur Avicole	Page
Programmes terminés en 2019 (Nom du programme & Financier)			
Assist (DRM)	114	Hybridation Caille (Agenavi)	117
GenOrmeau (FEAMP)	115		
Sex'N Perch (FEAMP)	116		
Programmes en cours en 2019 (Nom du programme & Financier)			
AquaFAANG (H2020)	119	Caill'ou ? (ONCFS)	-
AquaImpact (H2020)	120	CanArray (Rég. Pays de Loire, Rég. N.Aq.) CanArrayV ² (AGENAVI)	138
BioGerm (FEAMP 2017)	121	Chick'Tip (CASDAR)	-
CRB-Anim- Esp Aqua. (IA)(FEAMP°)	122	CRB-Anim- Esp. Avi.(IA)	139
Dada-Eat (FEAMP)	123	Eva-HD (CASDAR)	140
GénéSea (FEAMP 2016)	124	FaisSigne(AGENAVI)	141
NeoBio(FEAMP)	125	Fertilichem (SYSAAF)	142
Omega-truite (FEAMP)	126	Fertimâle (CRB Anim- INRA)	143
PerFormFish (H2020)	127	GibAdapt (InterProchasse)	144
PhenoMir (FEAMP)	128	PPillow (H2020)	145
QualityHuitre (FEAMP)	129	QuailHeatE (ANR)	146
RésiPal (FEAMP)	130	RefGenDivA (CRB-Anim)	147
Selfie (FEAMP)	131	SNPOie (CIFOG)	148
3S (FEAMP)	132	pHu-Gallus (INRAE)	-
SG-Truite (FEAMP)	133		
SiberSex (FEAMP)	134		
S'Sturgeon (FEAMP)	135		
Turboost (FEAMP)	136		
Vivaldi (H2020)	137		
Nouveaux programmes 2020 (Nom du programme & Financier)			
HypoTemp (FEAMP)	150	BalanceTonHybride-BTH	-
Phénomix (FEAMP)	151	Indica (Région Centre Val de Loire)	154
Red Out (FEAMP)	152	PalmiP (Région Normandie)	155
NewTechAqua	153	SeqOccin (Région Occitanie)	156
Programmes déposés en 2020 (Demande de financement en cours d'instruction) (Nom du programme & Financier)			
	-	Arc-en-Ciel	-
	-	ChemPredict	-
	-	PestiSanté	

Programmes de recherche et développement terminés en 2019

	<p style="text-align: center;">Assist : expertise perlière</p> <p style="text-align: center;">Appui à la mise en place des modalités techniques de la stratégie d'amélioration génétique appliquée de <i>Pinctada margaritifera</i> en polynésie française : production commerciale, approvisionnement, sécurisation génétique et sanitaire</p> <p style="text-align: center;">2018 – 2019(12 mois)</p> <p style="text-align: center;">Huître perlière <i>Pinctada margaritifera</i></p>
<p>Partenaires :</p>	<div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>
<p>Rôle du SYSAAF :</p>	<ul style="list-style-type: none">- Réaliser des groupes de travail (organisation de la filière, Schéma possible de sélection, Caractérisation et conservation de la variabilité génétique, Risques génétiques et sanitaires associés à la domestication, Priorités de R&D appliquées- 2 missions sur sites avec restitution de l'expertise en novembre
	<p>Participants SYSAAF : P. Haffray, C. Blay</p>
<p>Financeurs :</p>	<div style="text-align: center;"></div>
<p>Objectifs scientifiques :</p>	<ul style="list-style-type: none">• Réaliser une expertise pour préciser les modalités possibles d'une amélioration génétique durable de la filière de production d'huître perlière intégrant la préservation des populations sauvages en étroite interaction avec l'ensemble des structures professionnelles et des organismes de recherche déjà impliqués en Polynésie Française• Synthétiser les connaissances scientifiques• Elaborer et proposer des schémas de sélection appliqués• Identifier les connaissances ou développements technologiques utiles à l'optimisation de la mise en place des schémas de sélection génétique/génomique
<p>Illustrations :</p>	<div style="display: flex; justify-content: space-around;"></div>



GenOrmeau

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

2016 - 2019 (36 mois)

*Ormeau **Haliotis tuberculata***

Partenaires :



Rôle du SYSAAF :

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

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

Financeurs :

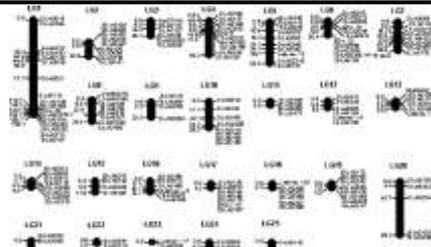


Objectifs scientifiques :

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

Illustrations :



	<h2 style="text-align: center;">Sex'NPerch</h2> <p style="text-align: center;">Sexage génétique chez la perche européenne <i>Perca fluviatilis</i> et amélioration de sa production par l'utilisation de populations monosexes femelles</p> <p style="text-align: center;">2016 - 2019 (36 mois)</p> <p style="text-align: center;">Perche européenne <i>Perca fluviatilis</i></p>
<p>Partenaires :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 10px;">    </div> <p>Laboratoires et entreprises associés :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 10px;">   </div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Supervision de la production des populations expérimentales par l'entreprise de sélection Lucas Perches - Validation d'un test de sexage génétique des perches en conditions commerciales - Transfert de la technologie à la filière <p>Participants SYSAAF : A. Bestin, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs : FEAMP mesure 47</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Développer de nouvelles connaissances relatives au déterminisme génétique du sexe - Mettre au point un test de sexage génétique fiable et performant pour identifier de façon rapide et sûre les néo-mâles qui doivent être utilisés pour produire des populations de perches génétiquement toutes femelles <p>→ Développer des populations monosexes femelle de perche (dimorphisme de croissance à l'avantage des femelles)</p>	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around;">    </div>	

	<h2 style="text-align: center;">Hybridation Caille</h2> <p style="text-align: center;">Développement d'un test permettant la détection d'individus issus de l'hybridation entre la Caille des Blés et la Caille japonaise</p> <p style="text-align: center;">2018-2019 (1 an)</p> <p style="text-align: center;"><i>Caille</i></p>
<p>Partenaires :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Caillor : Joan Cabanis, Sinto Granell. - SYSAAF : Romuald Rouger, Sophie Brard-Fudulea, Daniel Guémené. - INRA-GenPhySE: Noémie Thébault, Frédérique Pitel, Alain Vignal. - INRA-GABI : Bertrand Bed'hom, Xavier Rognon. - Université de Rennes : Sophie Lumineau. <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Coordination du génotypage (Rassemblement des échantillons, marqueurs à tester). - Analyse statistique des données. - Restitution sous forme d'un article de la méthode statistique mise en place. <p>Participants SYSAAF : R. Rouger, S. Brard-Fudulea, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs : <i>Caillor, AGenAvi</i></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Définition d'un set de marqueurs SNP et du test statistique permettant la détection d'individus hybrides entre la Caille des Blés et la Caille japonaise. • Définition de populations de référence pour la Caille des Blés et la Caille japonaise. • Evaluation du niveau d'hybridation d'individus dont le statut est inconnu. <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Outils d'homologation génétique des cheptels de Caille des Blés pour les pays où son élevage est autorisé. • Démarrage d'une collaboration avec l'ONCFS pour l'utilisation du test sur des populations sauvages. • Test statistique permettant la traçabilité de produits terminaux issus de schémas de croisements classiques. 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"> <div style="text-align: center;">  <p> Caille japonaise</p> </div> <div style="text-align: center;">  <p> Caille des Blés</p> </div> </div>	

Programmes de recherche et développement en cours en 2019

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

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



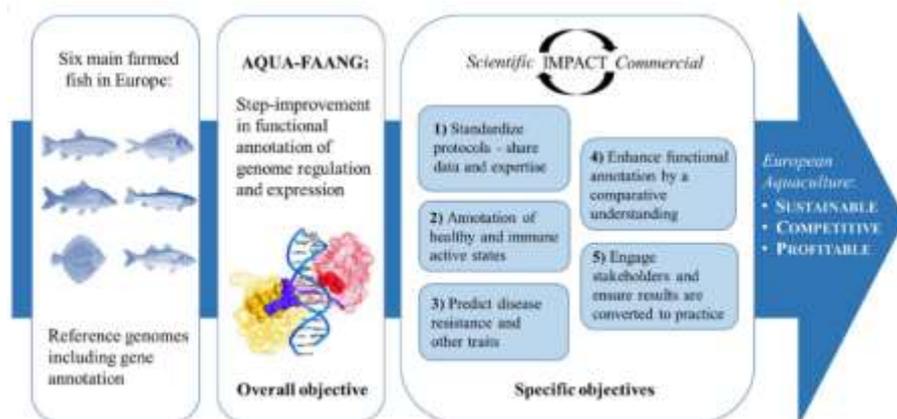
Objectifs scientifiques :

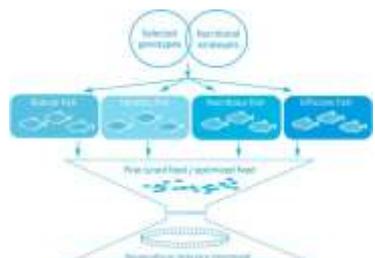
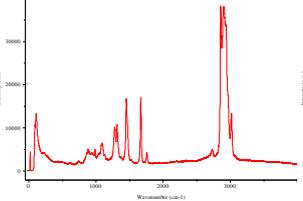
- Standardiser les protocoles d'annotation fonctionnelle
- Générer et interpréter les cartes d'annotation fonctionnelle pour des individus sains ou actifs immunitairement (challengés)
- Prédire la résistance aux maladies et performance aux autres traits d'intérêt commercial par les cartes d'annotation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

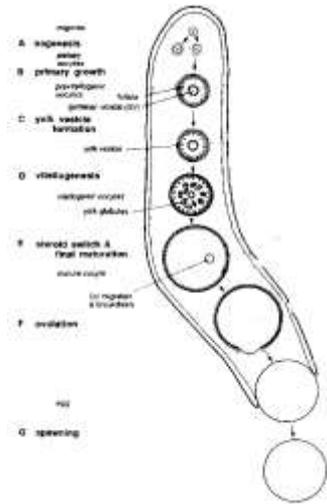
Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

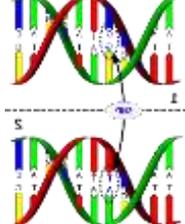
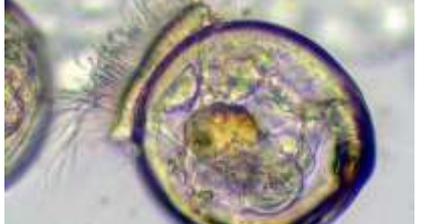
- Envisager l'application de ces résultats dans les schémas de sélection

Illustrations :

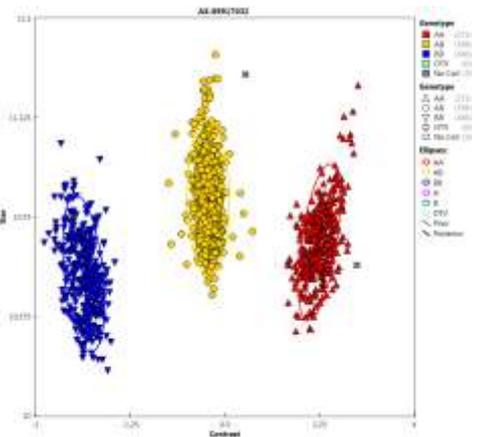


	<h2 style="text-align: center;">AquaIMPACT</h2> <p style="text-align: center;">Innovations génomiques et nutritionnelles pour les poissons d'élevage génétiquement supérieurs afin d'améliorer l'efficacité de l'aquaculture européenne</p> <p style="text-align: center;">2019 - 2022 (3 ans)</p> <p style="text-align: center;"><i>Saumon atlantique, truite arc-en-ciel, daurade royale, bar</i></p>
<p>Partenaires : 22 Natural Resources LUKE, Finland (Porteur)</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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 - Interactions GxE chez le bar - Embauche d'un CDD pour traitement de donnée sur la plateforme SIR-ScanMat (CNRS) <p>Participants SYSAAF : C. Ekloud Molinier, P. Haffray, A. Bestin, C. Blay,</p>	
<p>Financeurs : H2020-BG-2018-2020 (Blue Growth)</p> <div style="text-align: right;">  </div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • 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) <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Prédiction de la teneur en oméga 3 chez la Daurade 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">    </div>	

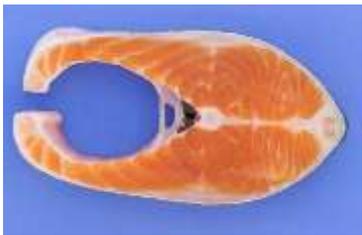
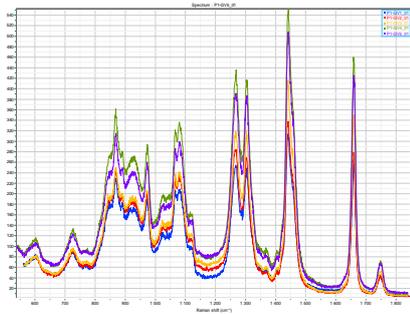
	<h2 style="text-align: center;">BioGerm</h2> <p style="text-align: center;">Production innovante de populations monosexuées sans utilisation d'hormone exogène chez les espèces d'intérêt piscicole et développement de la cryoconservation des cellules souches germinales et du sperme à haut débit</p> <p style="text-align: center;">2017 - 2020 (36 mois)</p> <p style="text-align: center;">Truite <i>Onchorynchus mykiss</i> Bar <i>Dicentrarchus labrax</i></p>
<p>Partenaires : INRAE (Coordinateur)</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"> <div style="text-align: center;">  <small>Pisciculteur de Père en Fils depuis 1898</small> </div> <div style="text-align: center;">  </div> <div style="text-align: center;">  </div> <div style="text-align: center;">  </div> </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 10px;"> <div style="text-align: center;">  </div> <div style="text-align: center;">  </div> <div style="text-align: center;">  </div> </div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> -Participation aux tâches de développement des méthodes de congélation haut débit -Conseil sur l'implémentation de la méthode dans les programmes de sélections et multiplications <p>Participants SYSAAF : R. Morvezen, C. Blay, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"> <div style="text-align: center;">  FranceAgriMer </div> <div style="text-align: center;">  UNION EUROPÉENNE </div> <div style="text-align: center;">  avec le FEAMP </div> <div style="text-align: center;">  MINISTÈRE DE L'AGRICULTURE ET DE L'ALIMENTATION </div> </div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> -Proposer une nouvelle méthode opérationnelle à court terme et alternative à l'utilisation d'hormones exogènes pour la production de populations monosexuées femelles chez les salmonidés -Vérifier la faisabilité et la praticabilité à très court terme (3 ans) de cette méthode dans des conditions réelles de production (pisciculture pilote) -Favoriser la dissémination de cette méthode et de ses différentes applications dans la filière piscicole française (communication, formation, transfert à différentes espèces, conservation/régénération des ressources génétiques) 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; align-items: center;"> <div style="flex: 1;">  </div> <div style="flex: 2;">  </div> </div>	

	<p>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</p>
<p>Partenaires :</p> <ul style="list-style-type: none"> - INRA, AgroParisTech, CNRS, VetAgroSup - GIE LABOGENA- LABOGENA DNA, ANTAGENE, FRB 	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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, <p>Participants SYSAAF : P. Haffray, A. Bestin, A-S Tyran, D. Guémené.</p>	
<p>Financeurs : "Investissements d'Avenir" ANR-11-INBS-0003"</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div>	
<p>Objectifs scientifiques et techniques :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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 <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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). 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around;">    </div>	

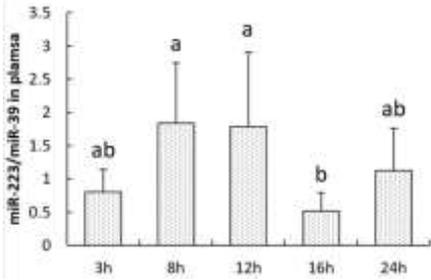
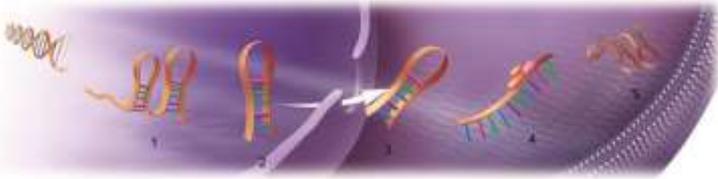
	<p style="text-align: center;">DADA-Eat</p> <p style="text-align: center;">Efficacité alimentaire individuelle chez le tilapia et audit pour une gestion génétique du tilapia à La Réunion 2018-2021 (36 mois)</p> <p style="text-align: center;">Tilapia du Nil <i>Oreochromis niloticus</i> et Tilapia hybride rouge</p>
<p>Partenaires :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none">- <i>Audit des pratiques de gestion et de sélection génétique du tilapia rouge (hybride à 4 espèces) à La Réunion</i>- <i>Proposition de stratégie de gestion et de sélection du tilapia rouge</i> <p>Participants SYSAAF : P. Haffray</p>	
<p>Financeurs :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none">- <i>Transférer au tilapia le protocole d'évaluation de l'efficacité alimentaire individuelle</i>- <i>Estimer l'efficacité d'une sélection massale sur l'efficacité alimentaire</i>- <i>Rationaliser la gestion de la ressource génétique de tilapia rouge à La Réunion pour intégrer de futures innovations comme celle de l'amélioration de l'efficacité alimentaire</i>	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around;"></div>	

	<h2 style="text-align: center;">GeneSea</h2> <p style="text-align: center;">Sélection Génomique chez le bar et la daurade 2017 - 2020 (36 mois) Bar <i>Dicentrarchus labrax</i> et Daurade <i>Sparus aurata</i></p>
<p>Partenaires :</p> 	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> -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 <p>Participants SYSAAF : R. Morvezen, R. Griot, S. Brard-Fudulea, A. Bestin, C Blay, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs :</p> 	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> -Développer la sélection génomique chez le bar et la daurade pour améliorer la résistance à des pathologies (VNN, Vibrio, pasteurelle) -Elaborer les outils pour le faire (puces génomiques 57k SNPs, pipeline d'analyse des données, d'assignation de parenté) 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around;">   </div>	

	<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> <p>Porteurs : INRA</p>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none">- Initiateur du projet- Participation au dimensionnement du protocole- Organisation d'échantillonnages à l'échelle nationale, en cheptels diploïdes et triploïdes- Analyses des origines génétiques des mâles spontanés- Valorisation des résultats, transferts à la filière <p>Participants SYSAAF : A. Bestin, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none">- 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, <p><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>	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around;"></div>	

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

	 <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) - Estimer les paramètres génétiques des caractères de production de daurade en cage et corrélations génétiques avec l'efficacité alimentaire individuelle (FMF, INRA) <p>Participants SYSAAF : A. Bestin, C. Blay, P. Haffray,</p>	
<p>Financeurs : 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>	
	

	<p style="text-align: center;">PhenoMir Phénotypage non invasif à l'aide de microARNs circulants chez la truite arc-en-ciel 2018 – 2021 (36 mois) <i>Truite arc-en-ciel</i></p>
<p>Partenaires : LPGP, INRA (coordinateurs)</p>	
<p>Rôle du SYSAAF : - Veille scientifique - Organisation d'un atelier lors des journées techniques</p> <p>Participants SYSAAF : C.Blay, P.Haffray.</p>	
<p>Financeurs : FEAMP 2018 mesure 47</p> 	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Identification de microARNs (miARNs) circulants dans le plasma et les fluides biologiques (fluide cœlomique) 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 <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • 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 	
<p>Illustrations :</p>  	

	<h2 style="text-align: center;">QualityHuitre</h2> <p style="text-align: center;">Sélection génomique pour l'amélioration de la qualité de l'huître 2019 – 2021 (3 ans) <i>Espèces concernées : Huitre creuse (Crassostrea gigas)</i></p>
<p>Partenaires : SYSAAF (Porteur) SATMAR Vendée Naissain CNRS (plateforme ScanMat) IRSTEA</p>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Coordinateur du projet - Organisation des chantiers de mesure - Co encadrement avec l'Ifremer d'un(e) doctorant(e) CIFRE pour l'analyse des résultats <p>Participants SYSAAF : R. Morvezen, F Enez, S. Brard-Fudulea, P. Haffray, D. Guémené.</p>	
<p>Financeurs : FEAMP 2018 mesure 47</p> 	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nouvelles méthodes de phénotypage <ul style="list-style-type: none"> 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) <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Étude sur la possibilité de sélection sur de nouveaux caractères • Évaluation des potentialités de la sélection génomique chez l'huître 	
<p>Illustrations :</p> 	



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 juillet 2020

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 :

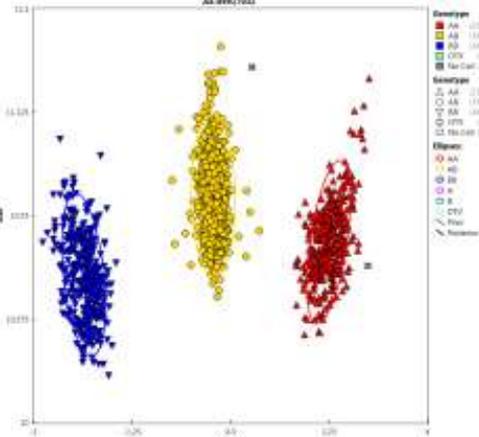
- Estimer la faisabilité d'une sélection génétique pour la résistance à la maladie de l'anneau brun
- Mesurer l'impact de la maladie de l'anneau brun sur les caractères physiologiques et morphologique de la palourde japonaise

Illustrations :



	<p style="text-align: center;">SELFIE SELECTION for Feed effiCency</p> <p style="text-align: center;">2019 – 2022 (36 mois) Bar</p>
<p>Partenaires : Ifremer (coordinateur)</p>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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 <p>Participants SYSAAF : C.Blay, P.Haffray.</p>	
<p>Financeurs : FEAMP 2018 mesure 47</p> 	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • 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...) <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • 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 	
<p>Illustrations :</p> 	

	<p style="text-align: center;">3S (Seabass, Sex and Stress) Rôle et contrôle de l'effet du stress dans la masculinisation des juvéniles de bar 2018 - 2020 (36 mois) Bar commun <i>Dicentrarchus labrax</i></p>
<p>Partenaires :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none">- 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 <p>Participants SYSAAF : P. Patrice, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs : FEAMP mesure 47</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none">- Déterminer le rôle du stress précoce dans la masculinisation du bar commun- Tester différentes conditions environnementales (notamment lumière et densité) visant à diminuer le stress des individus et ainsi à augmenter la proportion de femelles dans les populations- Définir un protocole d'élevage opérationnel permettant de maximiser le nombre de femelles produites, indépendamment de leurs caractéristiques génétiques	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>	

	<h2 style="text-align: center;">SG-Truite</h2> <p style="text-align: center;">Sélection Génomique chez la truite Arc-en-Ciel 2016 - 2020 (55 mois) Truite arc-en-ciel <i>Oncorhynchus mykiss</i></p>
<p>Partenaires :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">      </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 10px;">    </div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Porteur du projet - Co-encadrement d'un doctorant CIFRE - Développement du pipeline d'analyse - Coordination des échanges entre l'INRA, Gentyane et les adhérents impliqués <p>Participants SYSAAF : R. Morvezen, J. D'Ambrosio, S. Brard-Fudulea, A. Bestin, P. Patrice, F. Enez, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs : FEAMP mesure 47</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">      </div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Tester l'intérêt de l'information génomique sur des caractères sélectionnés en truiticulture - Evaluer la précision des valeurs génomiques par caractères en fonction du nombre de SNP utilisé - Formuler des programmes de sélection génomique adaptés (taille de la population de référence, nombre de SNPs utiles...) 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div>	

	<h2 style="text-align: center;">Siber'Sex</h2> <p style="text-align: center;">Amélioration de la filière caviar chez l'esturgeon sibérien par un contrôle génétique de la production de populations monosex femelle</p> <p style="text-align: center;">2017 - 2020 (36 mois)</p> <p style="text-align: center;">Esturgeon sibérien <i>Acipenser baerii</i></p>
<p>Partenaires :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none">- 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 <p>Participants SYSAAF : A. Bestin, F. Enez, P. Patrice, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs : FEAMP mesure 47</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none">- Caractériser le déterminisme du sexe chez l'esturgeon sibérien grâce au séquençage complet du génome et à la création d'une carte génétique- Mettre au point un test de sexage génétique- Développer une stratégie de production d'animaux « tout femelle »	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around;"></div>	



S'STURGEON

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

2019 – 2021 (36 mois)

Esturgeon du Danube *Acipenser Gueldenstaedtii*

Esturgeon Sibérien *Acipenser Baerii*

Partenaires :

INRA –LPGP (porteur)

CNRS-MGX

INRA-SIGENAE

INRA-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. Morvezan

Financiers : FEAMP mesure 47

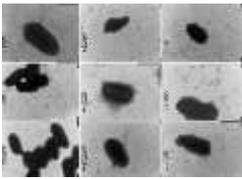
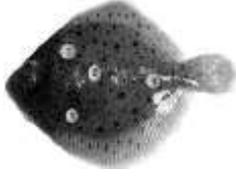


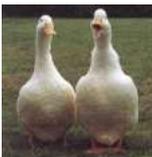
Objectifs scientifiques :

- 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 :

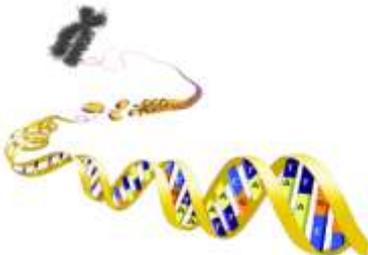


	<h2 style="text-align: center;">Turboost</h2> <p style="text-align: center;">Amélioration du turbot à la résistance à <i>Edwardsiella tarda</i> et corrélations génétiques avec les caractères de production et de qualité</p> <p style="text-align: center;">2018 - 2021 (36 mois)</p> <p style="text-align: center;">Turbot <i>Scophthalmus maximus</i></p>
<p>Partenaires :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Coordination du projet - Conseil pour le développement d'un nouvel outil d'assignation à parenté - Mise au point d'une épreuve infectieuse contrôlée à <i>Edwardsiella tarda</i> - Participation au phénotypage - Estimation des paramètres génétiques - Valorisation des résultats pour la filière turbot <p>Participants SYSAAF : A. Bestin, C. Blay, Y. François, D. Guémené, P. Haffray</p>	
<p>Financeurs : FEAMP mesure 47</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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 à un 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 le cadre de Turboost 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">      </div> <p style="text-align: center;"><small>FORTIOR Genetics Une collaboration Sysaaf - Anses</small></p>	

	<h2 style="text-align: center;">CanArray – CanArrayV²</h2> <p style="text-align: center;">Développement d'une puce de génotypage utilisable pour mettre en place des programmes de sélection génomique chez le canard commun et le canard de barbarie</p> <p style="text-align: center;">2017 - 2019 (3 ans), prolongation jusqu'en décembre 2020</p> <p style="text-align: center;"><i>Canard Commun, Canard de Barbarie, Canard Mulard</i></p>
<p>Partenaires : SYSAAF (Porteur) INRA GenPhySE (Partenaire) INRA PEGASE (Partenaire) Grimaud Frères Sélection (Partenaire) Orvia Gourmaud Sélection (Partenaire)</p>	   
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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 <p>Participants SYSAAF : S. Brard, M. Tessier, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs : CanArray : Région Pays de la Loire, Région Nouvelle-Aquitaine, canArrayV² : AgenAvi</p>   	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • 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 <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • 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 	
<p>Illustrations :</p>      	

	<p>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 <i>Espèces avicoles</i></p>
<p>Partenaires : INRA (Porteur) : GABI, PRC, SCRIBE SYSAAF (Prestataire) Autres Partenaires : CNRS, VetAgroSup, Labogena, Antagene, FRB,...</p>  	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none">- Réaliser la constitution des stocks de semence congelée de 21 races anciennes de poules, 10 lignées Gallus expérimentales INRA.- Participer à l'amélioration des techniques de congélation de semence de coq, de dindon et de caille, ainsi que de cellules diploïdes (PGC). <p>Participants SYSAAF : M. Reverchon, F. Seigneurin, A. Bailliard, A. Thélie, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs : Investissements d'Avenir" ANR-11-INBS-0003</p>  <p>LIBERTÉ • ÉGALITÉ • FRATERNITÉ RÉPUBLIQUE FRANÇAISE</p> <p>MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE</p> 	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none">- 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. <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none">- 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.	
<p>Illustrations :</p>   	

	<p align="center">Eva-HD : Efficacité Volailles Haut Densité Développement d'un automate permettant un accès direct et en continu à l'efficacité alimentaire individuelle des animaux dans les conditions d'élevage. 2015 – 2018 prolongation jusqu'à juin 2020 <i>Espèces avicoles</i></p>
<p>Partenaires : ITAVI (Porteur) INRA (Partenaire) SYSAAF (Partenaire) Euronutrition (Partenaire)</p>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Participation au développement du dispositif. - Participation à la réalisation des protocoles expérimentaux du projet. - Mise à l'épreuve de l'automate pour la sélection génétique au travers l'analyse des données de l'automate en vue d'en caractériser la variabilité génétique ainsi qu'en vue d'identifier de nouveaux critères de sélection liés au comportement alimentaire des animaux. <p>Participants SYSAAF : N. Alnahhas, B. Desnoues, D. Guémené.</p>	
<p>Financeurs : Projet CASDAR</p>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Mesure en temps réel de la consommation alimentaire et du poids vif individuels afin de calculer l'efficacité alimentaire.</i> • <i>Enregistrement, analyse et identification des caractères de comportement alimentaire.</i> <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Mise à disposition d'un automate permettant d'évaluer et d'améliorer l'efficacité et le comportement alimentaires des animaux en groupe au sol. 	
<p>Illustrations :</p> 	

	<h2 style="text-align: center;">FaisSigne</h2> <p style="text-align: center;">Mise au point et développement d'un panel SNP d'assignation de parenté chez le faisan 2018-2020 (2 ans) <i>Faisan de Colchide</i></p>
<p>Partenaires : SYSAAF (Porteur) Gen'Ethic (Partenaire) Plateforme INRA Gentyane (Partenaire) CNRS UMR 5554 (Partenaire)</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none">- Coordination du projet- Choix des animaux à géotyper- Choix des marqueurs pour le panel définitif <p>Participants SYSAAF : S. Brard-Fudulea, N. Alnahhas, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs : AgenAvi</p> <div style="text-align: center;"></div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none">• Apport de connaissances sur les structures de populations de faisans en gestion génétique• Choix de marqueurs pour l'assignation de parenté <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none">• Ressources génétiques (marqueurs moléculaires pour le faisan de Colchide)• Mise à disposition d'un outil d'assignation de parenté	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex;"></div>	

FERTILICHEM

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

Volaille



Porteur :



Budget total : 62 842€
Financier : SYSAAF,



Partenaire :



Chef de projet SYSAAF :
Maxime Reverchon

Contact :

maxime.reverchon@inrae.fr

Août 2019 – Décembre 2020 (16 mois)

La chémérine : quel rôle chez les volailles ?

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 pourrait être un marqueur de la qualité du développement embryonnaire du poussin.

Les retombées pour les sélectionneurs :

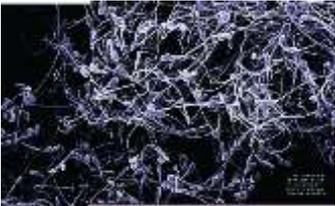
A l'issue du projet, les partenaires de la filière, disposeraient d'un marqueur de qualité du développement embryonnaire. La chémérine pourrait devenir un caractère de sélection pour les sélectionneurs de volaille.

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



Embryons Gallus gallus

	<h2 style="text-align: center;">Fertimâle</h2> <p style="text-align: center;">Finalisation d'un test diagnostic de fertilité des mâles reproducteurs en élevage 2019-2021 (durée 2 ans) Coq Gallus</p>
<p>Partenaires : 5 INRAE UMR-PRC Centre Val de Loire INRAE, UMR-PNCA SYSAAF ISA Hubbard</p>	<div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"> <div style="text-align: center;">  <small>A Hendrix Genetics Company</small> </div> <div style="text-align: center;">  </div> </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 20px;"> <div style="text-align: center;">  <small>YOUR CHOICE. OUR COMMITMENT</small> </div> <div style="text-align: center;">  </div> </div>
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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 <p>Participants SYSAAF : M. Reverchon, D. Guémené.</p>	
<p>Financeurs : CRB-Anim</p>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Développer un nouveau test prédictif de la qualité de la semence des animaux (Protéomique) <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Une nouvelle méthode d'analyse de la semence qui serait prédictive dans le temps de la fertilité des coqs. 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div>	

	<h2 style="text-align: center;">GibAdapt</h2> <p style="text-align: center;">Etudier le "Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement des descendants, sa transmission épigénétique et ses conséquences adaptatives" chez une espèce modèle, la caille japonaise et une espèce de gibier, la perdrix rouge.</p> <p style="text-align: center;">2018-2021 (3 ans) Caille, Perdrix rouge</p>
<p>Partenaires : InterProchasse Université de Rennes 1 INRA IMPCF (Porteur) : SYSAAF</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	
<p>Rôle du SYSAAF : Coordinateur</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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 compte-rendus, et, de manière générale, assure le secrétariat du Projet. <p>Participants SYSAAF : M. Charrier, D. Guémené, M. Reverchon</p>	
<p>Financeurs : Interprochasse, ANRT, SYSAAF</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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 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 et 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 <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	

	<p style="text-align: center;">PPILOW</p> <p style="text-align: center;">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.</p> <p style="text-align: center;">Date (60 mois) (2019-2024) <i>porcin, volaille</i></p>
<p>Partenaires : INRA (Porteur) (Partenaire)</p>	
<p>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 et pilote la tâche N° 5.2 portant sur l'évaluation du potentiel de production des croisements à double objectif dans des environnements différents en vue d'explorer de nouvelles voies de valorisation des poussins mâles d'un jour issus de la filière ponte.</p> <p>Participants SYSAAF : <i>N. Alnahhas, M. Reverchon, D Guémené.</i></p>	
<p>Financeurs : Horizon 2020</p> 	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • 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 <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • 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. 	
<p>Illustrations</p>	



QuailHeatE

Mécanismes épigénétiques du conditionnement précoce à la chaleur chez la caille

2016-2020 (4 ans)

Caille

Partenaires :

- INRA, UMR BOA, équipe MOQA : Vincent Coustham, Anais Vitorino Carvalho.
- SYSAAF : Partenaire.



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



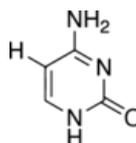
Objectifs scientifiques :

- 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 causée par une manipulation de température d'incubation.
- Vérifier la transmission trans-générationnelle des modifications épigénétiques causées par la manipulation de température d'incubation.

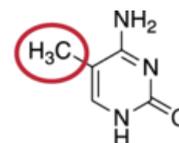
Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- 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



methyated Cytosine

	<h2 style="text-align: center;">RefGenDivA</h2> <p style="text-align: center;">Les collections avicoles de CRB-Anim : un référentiel génomique pour caractériser et gérer la diversité génétique chez la poule, de la race locale à la lignée commerciale</p> <p style="text-align: center;">2017 - 2019 (3 ans)</p> <p style="text-align: center;"><i>Poule pondeuse, Poulet de chair</i></p>
<p>Partenaires : SYSAAF (Porteur) UMR INRA – AgroParisTech GABI (Partenaire) Labogena DNA (Partenaire)</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Coordination projet - Choix des individus à génotyper - Analyse de la variabilité génétique inter et intra population en collaboration avec l'INRA - Développement de la méthode de choix des marqueurs pour l'assignation de parenté et à la race et validation croisée, en partenariat avec l'INRA <p>Participants SYSAAF : <i>S.Brard, D. Guémené, R. Rouger</i></p>	
<p>Financeurs : <i>CRB-Anim</i></p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">    </div> <p style="text-align: center;">MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE</p>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Apport de connaissances sur la biodiversité avicole : compléter le référentiel génomique obtenu dans BioDivA • Développement original d'un panel SNP à double objectif : assignation de parenté et à la <i>race</i> <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Mise à disposition d'un outil d'assignation de parenté <i>Gallus</i> 	
<p>Illustrations :</p> 	

	<p style="text-align: center;">SNPoie</p> <p style="text-align: center;">Développement de ressources SNP et mise au point d'un panel d'assignation de parenté pour la reproduction naturelle de l'oie</p> <p style="text-align: center;">2018-2019 (2 ans)</p> <p style="text-align: center;"><i>Oie</i></p>
<p>Partenaires : SYSAAF (Porteur) Grimaud Frères Sélection (Partenaire) Orvia Gourmaud Sélection (Partenaire) CNRS – UMR 5554</p>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none">- Coordination du projet- Choix des animaux à génotyper- Choix des marqueurs pour le panel définitif <p>Participants SYSAAF : S. Brard-Fudulea, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs : CIFOG</p>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none">• Apport de connaissances sur les structures de populations d'oies• Choix de marqueurs pour l'assignation de parenté <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none">• Ressources génétiques (marqueurs moléculaires pour <i>Anser anser</i>)• Mise à disposition d'un outil d'assignation de parenté pour les sélectionneurs et races locales	
<p>Illustrations :</p> 	

Nouveaux programmes de recherche et développement soumis et accepté pour un financement en 2019

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

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 :

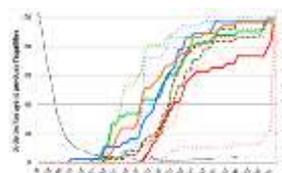
pierre.patrice@inrae.fr

yoannah.francois@inrae.fr

d'eau, cependant elles sont coûteuses et fortement énergivores.

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 climatiq



Bassin thermo-régulé

PHENOMIX

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

tester la possibilité de combiner dans une même analyse des spectres acquis sur différentes générations.

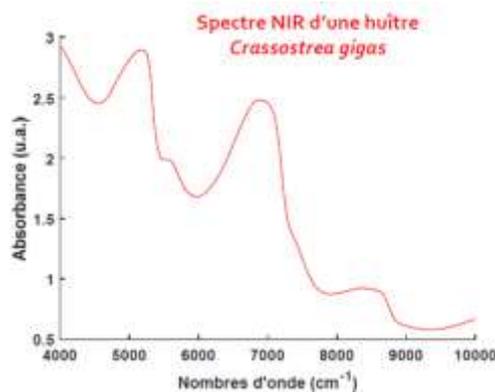
Les retombées pour les sélectionneurs :

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 (monogénération 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.

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

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



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

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

Porteur :



Partenaire



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

Contact :

florian.enez@inrae.fr

pierre.patrice@inrae.fr

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 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

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

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.

Porteur : Université de Bologne, Italie.



Partenaires :



Les retombées pour les sélectionneurs :

A l'issue du projet, les partenaires de la filière ostréicole 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

INDICA

Evaluation de l'incidence de pesticides sur la faune aquatique et la santé humaine en Région Centre

Truite arc en ciel *Oncorhynchus mykiss*



Budget total : 210 000 €

Financier : Région Centre-Val de Loire



Porteur :



Partenaires :



Chef de projet SYSAAF :

Maxime Reverchon

Contact :

pascal.froment@inrae.fr

maxime.reverchon@inrae.fr

Mars 2020 – mars 2022 (24 mois)

Evaluation de l'incidence de pesticides sur la faune aquatique et la santé humaine en Région Centre-Val de Loire.

La qualité de l'environnement est actuellement reconnue comme un des déterminants de la santé mais aussi du bien-être social des populations. Les effets délétères des contaminations environnementales sur la santé et le développement durable sont régulièrement dénoncés tant au niveau local qu'au niveau international. Parmi les contaminants chimiques, les pesticides dont certains présentent des activités décrites comme étant des perturbateurs endocriniens sont encore utilisés par les agriculteurs. Dans plusieurs masses d'eau, il a été décrit des chutes de la fécondité des poissons, notamment pendant les périodes de traitement des terres agricoles, ce qui nous pose la question sur le lien entre la qualité de l'eau et la santé humaine environnementale.

L'objectif du projet INDICA est de faire dans un premier temps, un état des lieux des concentrations de cinq produits phytosanitaires à activité « Perturbateurs Endocriniens » (PE) dans des masses d'eau de la Région Centre Val de Loire

Les missions du SYSAAF

- Identifier et solutionner un problème récurrent de production chez un adhérent
- Organiser les collectes d'échantillons chez Aqualande

à l'aide d'analyses physico-chimiques. De plus, des mesures sur les impacts des perturbateurs endocriniens seront réalisées à l'aide de bio-indicateurs (animaux sentinelles aquatiques), puis dans un deuxième temps, seront évalués les effets sur le système nerveux central (hypothalamus, comportement), les gonades ainsi que le lien avec la fertilité humaine sur sensibilité des cellules ovariennes humaines, la concentration de ces produits dans des fluides biologiques humains, patients infertilités.

Les retombées pour les sélectionneurs :

L'étude permettra de faire un état des lieux de la présence dans l'eau de certains PE, liés à l'utilisation de produits phytosanitaires pouvant affecter les animaux.



Ceufs fécondés de truite arc en ciel

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, Région 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.

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.



Oies huppées normandes

SEQOCCIN

Séquençage Occitanie Innovation pour une meilleure connaissance des génomes

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

Le projet SeqOccin a pour objectif de permettre à GenoToul d'acquérir 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 4 : Liste des publications-communications des agents du SYSAAF en 2019

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

- 1- **D'Ambrosio, J.**, Phocas, F., **Haffray, P.**, **Bestin, A.**, **Brard-Fudulea, S.**, Poncet, C., Quillet, E., Dechamp, N., Fraslin, C., Charles, M., Dupont-Nivet, M., 2019. Genome-wide estimates of genetic diversity, inbreeding and 1 effective size of experimental and commercial rainbow trout lines undergoing selective breeding. *Genet Sel Evol* (2019) 51:26. <https://doi.org/10.1186/s12711-019-0468-4>
- 2- 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., Schartl, M., Postlethwait, J.H., Schraidt, C., Christie, M., Larson, W., Herpin, A., Guiguen, Y., 2019. 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*. DOI: 10.1111/1755-0998.13133
- 3- **Fraslin, C.**, **Brard-Fudulea, S.**, **D'Ambrosio, J.**, **Bestin, A.**, Charles, M., **Haffray, P.**, Quillet, E., Phocas, F., 2019. Rainbow trout resistance to bacterial cold water disease: two new QTL identified after a natural disease outbreak in a French farm. *Anim Genet*. <https://doi.org/10.1111/age.12777>
- 4- **Griot R.**, Allal F., **Brard-Fudulea S.**, **Morvezen R.**, **Haffray P.**, Phocas F., Vandeputte M., 2019. APIS: An Auto-Adaptive Parentage Inference Software tolerant to missing parents. *Molecular Ecology Resources*, volume 2 (20), 579-590 : <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13103>
- 5- Leroy, G., Gicquel, E., Boettcher, P., Besbes, B., Furre, S., Fernandez, J., Danchin-Burge, C., **Alnahhas, N.**, Baumung, R. 2019. Coancestry rate's estimate of effective population size for genetic variability monitoring. *Conservation Genetics Resources*. June 2019. DOI: 10.1007/s12686-019-01092-0
- 6- 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>
- 7- **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>
- 8- Vandeputte, M., Bugeon, J., **Bestin, A.**, Desgranges, A., Allamellou, J-M., **Tyran, A-S.**, Allal, F., Dupont-Nivet, M., **Haffray, P.**, 2019. First evidence of realized selection response on fillet yield in fish: a demonstration in rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*, using indirect or sib selection. *Frontiers in Genetics*, 10: 1-13. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.01225>
- 9- Vignal, A., Boitard, S., Thébault, N., Guiguibaza-Kossigan Dayo, Yapi-Gnaore, V. Issaka Youssao Abdou, K., Berthouly-Salazar, C., Pálinkás-Bodzsár, N., **Guémené, D.**, Thibaud-Nissen, F., Warren, W-C., Tixier-Boichard, M., Rognon, X., 2019. A guinea fowl genome assembly provides new evidence on evolution following domestication and selection in galliformes. *Molecular Ecology Resources*. 00: 1–18. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13017>

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

- 10- **Bestin, A.**, Acin Perez, A., Cachelou, F., **Guémené, D.**, **Haffray, P.**, 2019. Very high genetic correlation for egg production traits between two successive spawning in rainbow trout. 7th International Workshop on the Biology of Fish Gametes, Rennes, Septembre 2019. (Communication orale).
- 11- **D'Ambrosio, J.**, **Morvezen, R.**, Acin Perez, A., **Brard-Fudulea, S.**, **Bestin, A.**, **Haffray, P.**, Dupont-Nivet, M., Phocas, F., 2019. Genomic prediction and genome-wide association studies for female reproduction traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Europe Aquaculture, Berlin, 7-10 Octobre 2019. Poster.



- 12- **D'Ambrosio J., Morvezen R., Brard-Fudulea S., Bestin A., Haffray P.,** Dupont-Nivet M., Phocas F., 2019. Development of genomic predictions for female reproduction traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Gordon conference, Italie. Poster
- 13- **D'Ambrosio J., Morvezen R., Brard-Fudulea S., Bestin A., Haffray P.,** Dupont-Nivet M., Phocas F., 2019. Factors of variation of genomic selection accuracy for female reproduction traits with a constant reference population size of rainbow trouts. Gordon conference, Italie. Poster
- 14- Dechamp, N., **D'Ambrosio, J.,** Terrier, F., Cachelou, F., **Bestin, A.,** Quillet, E., Skiba-Cassy, S., Médale, F., Phocas, F., Dupont-Nivet, M., 2019. QTLs linked to survival and growth of rainbow trout fed a 100% plant-based diet in rainbow trout since the first meal. Aquaculture Europe 2019, Berlin, Octobre 2019. (Poster)
- 15- **Enez F., Haffray P.,** 2019. Efficiency of within-group mass selection on threshold trait and successive mass or index selection on continuous trait. EAS, Berlin, 07-10/10/2019. Poster
- 16- Frasin, C., Hocdé P., **Bestin, A.,** Dechamp, N., **D'Ambrosio, J.,** Krieg, F., Belmonte, E., Poncet, C., **Haffray, P.,** Guiguen, Y., Phocas, F., Quillet, E., 2019. GWAS reveals several genomic regions governing spontaneous XX-malehood in all-female rainbow trout. EAS Berlin (oral presentation).
- 17- Labbé C. Delhomme G, Depince A. Gavin-Plagne L, Goardon L, Kica S., Leboucher R., **Morvezen R.,** Li N. Changes in sperm cryopreservation procedure for industrial needs. 7. International Workshop on the Biology of Fish Gametes, Sep 2019, Rennes, France. 178 p., 2019. (hal-02282236)
- 18- Montero, D., Torrecillas, S., Tocher, D.R., Vandeputte, M., Fontanillas, R., Rosenlund, G., **Haffray, P.,** Ruyter, B., Sonesson, A., Bastiaansen, J., Kause, A., 2019. Development of fish feeds and feeding strategies for genetically superior fish from breeding programmes. Europe Aquaculture, Berlin, 7-10 October 2019. Oral presentation.
- 19- Prchal, M., Kocour, M., Vandeputte, M., Kause, A., Vergnet, A., Zhao, J., Gela, D., Genestout, L., **Bestin, A., Haffray, P.,** Bugeon, J., 2019. Morphological predictors of slaughter yields using 3D digitizer and their utilization in common carp breeding program. Europe Aquaculture, Berlin, 7-10 October 2019. Oral presentation.
- 20- **Rouger R., Teissier M., Brard-Fudulea S.,** Thébault N., Riquet J., Leroux S., Vignal A., Bed'hom B., Rognon X., Lumineau S., Diot C., Alletru B., Cornil M., Bouleau P., Blanchet M., Le Mignon G., Demeure O., **Guémené D.** 2019 - Practical applications of genomic assignment methods in the avian breeding industry. 11th European Symposium on Poultry Genetics, Prague, 23-25 Octobre 2019. Présentation orale.
- 21- **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., 2019a. Development and validation of high density SNP array in ducks. European Symposium on Poultry Genetics, Prague, 23-25 octobre 2019. Présentation orale.
- 22- Vandeputte, M., Frasin, C., **Haffray, P., Bestin, A.,** Allal, F., Prchal, M., Kocour, M., Dupont-Nivet, M., 2019. How to genetically increase fillet yield in fish: relevant genetic parameters and methods for estimation of genetic gains. Europe Aquaculture, Berlin, 7-10 October 2019. Oral presentation
- 23- Zhao, J., Prchal, M., Palaikostas, C., Houston, R.D., Kause, A., Vandeputte, M., Vergnet, A., Bugeon, J., **Bestin, A.,** Vesely, T., Pokorova, D., Piackova, V., Pojezdal, L., Genestout, L., Kroupova, H. K., Kocour, M., 2019. The relationship between Koi Herpesvirus Disease resistance and other production traits inferred from sibling performance in Amur mirror carp. Aquaculture Europe 2019, Berlin, Octobre 2019. (Poster)

5 - Communications courtes dans des congrès scientifiques et symposiums nationaux

- 24- **Besson, M.,** Allal, F., Vergnet, A., Clota, F., Cariou, S., **Haffray, P.,** Vandeputte, M., 2019. Améliorer l'efficacité alimentaire des poissons en utilisant une nouvelle méthode de phénotypage en aquarium individuel. 6^{èmes} Journées de la Recherche Filière Piscicole, Paris, 2-3 juillet, 2019. Présentation orale.
- 25- **Bestin, A., Enez, F.,** Krieg, F., Denis, C., Le Coat, R., Hocde, P., Barbaza, J.-A., Guiguen, Y., **Haffray, P.,** Quillet, E., 2019. Enquête sur la masculinisation spontanée dans les élevages français de truite arc-en-ciel monosex femelle. NeoBio. 6^{èmes} Journées de la Recherche Filière Piscicole. Paris, 2 juillet 2019. (Poster).
- 26- **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. 6^{èmes} Journées de la Recherche Filière Piscicole, Paris, 2-3 juillet, 2019. Présentation orale.

- 27- **Charrier, M.**, Lumineau, S., Nicolle, C., Lormant, F., Bertin, A., Arnoud, C., Darmaillacq, C., Dickel, A.-S., Calandreau, L., Houdelier, C., 2019. Le stress maternel prénatal module le développement des capacités cognitives chez la caille japonaise. 13^{èmes} Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras. Tours, 20 - 22 Mars, 2019. 601-605.
- 28- **D'Ambrosio, J. Morvezen, R.**, Perez, A. A., **Brard-Fudulea, S., Bestin, A., Haffray, P.**, Dupont-Nivet, M., Phocas, F., 2019. Déterminisme génétique et sélection génomique des caractères de reproduction femelle chez la truite arc-en-ciel. 6^{ème} Journées de la Recherche Filière Piscicole, Paris, 2-3 juillet, 2019. Présentation orale.
- 29- **D'Ambrosio, J.**, Phocas, F., **Haffray, P.**, Quillet, E., Bestin, A., Fraslin, C., Dechamp, N., Dupont-Nivet, M., 2019. Estimation de la diversité génétique entre et intra lignées françaises de truite arc-en-ciel. 6^{èmes} Journées de la Recherche Filière Piscicole, Paris, 2-3 juillet, 2019. Présentation poster.
- 30- De Verdal, H., Rodde, C., Canonne, M., Vandeputte, M., **Haffray, P.**, 2019. Possibilités d'amélioration génétique de l'efficacité alimentaire chez le tilapia du Nil – Projet DADA-Eat. 6^{èmes} Journées de la Recherche de la Filière Piscicole, ITAVI, Paris, 3-4 juillet 2019 (Proposition présentation orale).
- 31- **Enez F., Haffray P.**, 2019. Efficacité de la sélection intra-groupe pour l'amélioration conjointe d'un caractère à seuil et d'un caractère continu sur la base d'une sélection massale ou sur index. 6^{èmes} Journées de la Recherche Filière Piscicole. 02-03/07/2019, Paris, France. Poster.
- 32- **François, Y.**, Cabon, J., Morin, T., **Guémené, D., Haffray, P.**, 2019. Fortior Genetics, une plate-forme pour améliorer la résistance aux maladies des poissons d'élevage par sélection génétique. 6^{èmes} Journées de la Recherche Filière Piscicole, Paris, 2-3 juillet, 2019. Présentation orale.
- 33- **Fraslin, C., Bestin, A.**, Dechamp, N., Krieg, F., Belmonte, E., Poncet, C., Hocde, P., **Haffray, P.**, Guiguen, Y., Phocas, F., Quillet, E., 2019. Masculinisation spontanée chez la truite arc-en-ciel : de nouvelles régions du génome identifiées. NeoBio. 6^{èmes} Journées de la Recherche Filière Piscicole. Paris, 2 juillet 2019. (Communication orale).
- 34- Labbé C. Delhomme G, Depince A. Gavin-Plagne L, Goardon L, Kica S., Leboucher R., **Morvezen R.**, Li N. Cryoconservation du sperme de salmonidés : évolution des pratiques et amélioration des fécondances. 6. Journées de la Recherche Filière Piscicole, Juil 2019, Paris, France. 2019. <hal-02184253>
- 35- **Morvezen R. Brard-Fudulea S., Haffray P., Guémené D.**, 2019. La sélection génomique au SYSAAF. Journées du SFAM, 21 Mars 2019, Montpellier, France. Présentation orale.
- 36- **Patrice, P.**, Andrès, S., **Bestin, A., Haffray, P.**, 2019. INFAQUA : Logiciel de collecte, de gestion et d'archivage de données des sélectionneurs aquacoles. 6^{èmes} Journées de la Recherche Filière Piscicole, Paris, 2-3 juillet, 2019. Poster.
- 37- Piégu, B., Arensburger, P., Beauclair, L., Chabault, M., Raynaud, E., Coustham, V., **Brard-Fudulea, S., Guémené, D.**, Guizard, S., Le Bihan-Duval, E., Bigot, Y., 2019. Variations structurales du genome entre des populations sauvages et domestiques de poules Gallus gallus. 13^{èmes} Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, Tours, 20-21 mars 2019. Présentation poster.
- 38- **Reverchon, M.**, Bailliard, A., Seigneurin, F., Gourichon, D., Baumard, Y., Zerjal, T., Duclos, D., Grasseau, I., Blesbois, E., Tixier-Boichard, M., **Guémené, D., Thélie, A.**, 2019. Cryopréservation de semences des espèces avicoles et illustration d'un exemple de valorisation. 13^{èmes} Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras. Tours, 20 - 22 Mars, 2019. 601-605. (Communication affichée)
- 39- **Rouger R., Brard-Fudulea S.**, Thébault N., Pitel F., Vignal A., Bed'hom B., Rognon X., Lumineau S., **Guémené D.**, 2019. Développement d'un panel de marqueurs SNP pour détecter l'hybridation entre la Caille des Blés et la Caille japonaise. 13^{èmes} Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, Tours, 20-21 mars 2019. Présentation orale.
- 40- 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., 2019. Développement d'une puce de génotypage haute densité 600K pour le canard Commun et le canard de barbarie, 13^{èmes} Journées de La Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras. Tours, 20-21 mars 2019. Présentation orale.
- 41- Vandeputte, M. Bugeon, J., **Bestin, A.**, Desgranges, A., Allamellou, J-M., Tyran A-S., Allal, F., Dupont-Nivet, M., **Haffray, P.**, 2019. Réponse à la sélection sur le rendement de filet chez la truite arc-en-ciel. 6^{ème} Journées de la Recherche Filière Piscicole, Paris, 2-3 juillet, 2019. Présentation orale

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

- 42- **Bestin, A., Morvezen, R.**, 2019. Génomique de la résistance à la Photobactériose chez la daurade royale. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. (Présentation orale)
- 43- **Brard-Fudulea, S.**, 2019a. Des marqueurs de l'ADN : pour quoi faire ? 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. (Présentation orale)
- 44- **Brard-Fudulea, S.**, 2019b. Génomes et marqueurs SNP. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. (Présentation orale)
- 45- **Brard-Fudulea, S.**, 2019. Programme SeqOccin : Séquençage Occitanie Innovation "Pour une meilleure connaissance des génomes. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 46- **Brard-Fudulea, S., Haffray, P., Morvezen, R., Enez, F., Bestin, A., Eklouh-Molinier, C.,** Vandeputte, M., Phocas, F., Allal, F., Lamy, J-B., Boudry, P., Nazabal, V., Moréac, A., Taupier, G., 2019. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 47- **Brard-Fudulea, S., Teissier, M., Guémené, D.,** Nicolas Bierne, Cathy Liautard, Lydia Jaffrelo, Charles Poncet, Denis Bourasseau, Serge Tricoire, Typhanie Ruer, Magali Blanchet, Bernard Alletru, Pierre-Alexandre Gagnaire, 2019. Développement d'un panel d'assignation de parenté à partir de données de séquences chez l'oie et le faisán. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF, Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 48- **Brard-Fudulea, S.**, 2019. Projet SNPoie : Développement de ressources SNP et mise au point d'un panel d'assignation de parenté pour la reproduction naturelle de l'oie. Commission R&D du CIFOG, Bordeaux, 18 mars 2019.
- 49- **Charrier, M.**, 2019. Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement des descendants, sa transmission épigénétique et ses conséquences adaptatives, Assemblée Générale du laboratoire EthoS.
- 50- **D'Ambrosio, J., Morvezen, R., Brard-Fudulea, S., Bestin, A., Enez, F., Haffray, P.,** Dupont-Nivet, M., Phocas, F., 2019. Diversité génétique entre et intra populations françaises de truite arc-en-ciel. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 51- **D'Ambrosio, J., Morvezen, R., Brard-Fudulea, S., Bestin, A.,** Perez, A., **Haffray, P.,** Dupont-Nivet, M., Phocas, F., 2019. Sélection génomique chez la truite arc-en-ciel : Caractères de reproduction femelle. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 52- **Enez, F., Morvezen, R., Haffray, P.**, 2019. What is the status of Markers-assisted selection in shellfish industry in France? VIVALDI EU H2020 project, General Assembly, Trieste, June, 11-13, 2019.
- 53- **Enez F., Haffray P.**, 2019. Potential and optimization of breeding programs in Pacific oyster in presence of mortalities. VIVALDI EU H2020 project, General Assembly. Brest, 26-27/11/2019. Présentation orale.
- 54- **Enez, F., Haffray, P.**, 2019. Evaluation du risque de consanguinité en sélection massale chez les mollusques. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 55- **Enez, F., Bestin, A.**, 2019. Mais que fait le SYSAAF ? Séminaire LPGP, Rennes, Mai 2019.
- 56- **Enez, F., Haffray, P.**, 2019. Estimation des paramètres génétiques de caractères de production et de résistance aux pathogènes chez l'huître creuse et la palourde. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 57- **Fraslin, C., Bestin, A.,** Dechamp, N., Krieg, F., Belmonte, E., Poncet, C., Hocdé, P. **Haffray, P.,** Guiguen, Y., Phocas, F., Quillet, E., 2019. Identification de marqueurs génétiques associés à la masculinisation spontanée chez la truite arc-en-ciel. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 58- **Griot, R., Allal, F., Brard-Fudulea, S., Morvezen, R., Haffray, P.,** Phocas, F., Vandeputte, M., 2019. Sélection génomique pour améliorer la résistance au VNN ou à la Vibriose chez le bar. Nouveautés par rapport aux résultats acquis dans FishBoost. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.

- 59- **Griot, R., Allal, F., Brard-Fudulea, S., Morvezen, R., Haffray, P., Phocas, F., Vandeputte, M.,** 2019. Amélioration de la procédure d'assignation de parenté à partir des puces génomiques avec des parents manquants le logiciel APIS. 2^{èmes} Journées Technique Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 60- **Guémené, D.,** 2019. Bien-être au sein des filières avicoles : Les systèmes d'élevage pour poules pondeuses : Le vent du changement confronté aux enseignements de l'expérimentation ? 3^{ème} Année Ingénieur BordeauxSciencesAgro. 18 Septembre 2019.
- 61- **Guémené, D.,** 2019. Welfare problems in broilers caused by the genetic factors and the resistance of stress in commercial broilers. Better Training for Safer Food - SANCO Training [BTSF- SANCO Training In "Animal Welfare in broiler production"]. Nunspeet, The Netherlands. May 14th-17th, 2019.
- 62- **Guémené, D.,** 2019. Welfare problems in broilers caused by the genetic factors and the resistance of stress in commercial broilers. Better Training for Safer Food - SANCO Training [BTSF- SANCO Training In "Animal Welfare in broiler production"]. Nunspeet, The Netherlands. October 15th-18th, 2019.
- 63- **Haffray, P., Morvezen, R., Brard-Fudulea, S., Guémené, D.,** 2019. La sélection génomique pour de nouveaux caractères au SYSAAF. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 64- **Haffray, P., Morvezen, R., Brard-Fudulea, S., Guémené, D.,** 2019. Besoins en ressources et en outils génomiques au SYSAAF. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 65- **Haffray, P., Morvezen, R., Brard-Fudulea, S., Guémené, D.,** 2019. Besoins du SYSAAF en développements informatiques et nouvelles compétences pour de nouveaux services. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 66- **Haffray, P., Bestin, A., Cariou, S., Bruant, J.-S., Ventre, F., Desgranges, A.,** 2019. Impact for the French sea bass, sea bream, and rainbow trout industry. Assemblée Générale Fishboost. 22-23 janvier 2019. (Communication orale).
- 67- **Haffray, P.,** 2019. Place de la génétique dans la santé des poissons. Présentation orale. Séminaire INRA génétique animale et santé des poissons, Rennes, 16 mai 2019.
- 68- **Haffray, P., Nazabal, V.,** 2019. AVENIR : Validation d'une méthode de phénotypage haut-débit par spectroscopie vibrationnelle NIR pour une prestation de service d'analyse des acides gras de poissons d'aquaculture. Présentation orale Service Economique Région Bretagne, 4 juin 2019, Rennes.
- 69- **Haffray, P.,** 2019. Sélectionner l'huître perlière de Polynésie ? Comment ? Atelier ASSIST, Papeete, Polynésie Française.
- 70- **Morvezen R.,** 2019. Comment fonctionne le principe de l'assignation de parenté ? 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 71- **Morvezen R. Brard-Fudulea S., Haffray P., Guémené D.,** 2019. La sélection génomique au SYSAAF Séminaire interne de l'INRA LPGP. 13 Septembre 2019, Montpellier, France. Présentation orale.
- 72- **Rouger R.,** 2019. Panel de détection de l'hybridation interspécifique entre les Cailles des Blés et la Caille Japonaise. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF, Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 73- **Rouger R.,** 2019. Développement d'un panel de marqueurs génétiques pour détecter l'hybridation entre la Caille des Blés et la Caille japonaise. Forum Gibier et Chasse, Paris, 1^{er} Mars 2019.
- 74- **Rouger, R.,** 2019. Bilan de sélection des 4 lignées de Bresse. Commission de sélection de la volaille de Bresse. (Saint-Etienne-du-Bois, 28/03/19
- 75- **Rouger R.,** 2019. Développement d'un panel de marqueurs génétiques pour détecter l'hybridation entre la Caille des Blés et la Caille japonaise. Conseil d'administration de l'Interprochasse, Paris, 05 Février 2019.
- 76- **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.,** 2019. Développement d'un panel d'assignation de parenté à partir d'une puce HD chez les canards pékin, barbarie et hybride mulard,

2019. 2^{èmes} Journées Techniques Génomiques du SYSAAF, Rennes, 13-14 novembre 2019. Présentation orale.
- 77- Vandeputte M., Caut I., Bosc S., Menchi O., Gracia S., Guilloton E., Coll M., Chanseau M., Allamellou J.M., **Bestin A., Haffray P.**, 2019. Assignation de parenté pour évaluer l'efficacité d'un programme de restauration écologique du saumon en Garonne et Dordogne. 2^{ème} Journées Technique Génomiques du SYSAAF. Rennes, 13-14 novembre 2019.
- 78- **Brard-Fudulea, S.**, 2019. Rapport SNPoie GFS. SYSAAF.
- 79- **Brard-Fudulea, S.**, 2019. Rapport FaisSigne 2019. SYSAAF.
- 80- **Haffray, P.**, 2019. Appui à la mise en place des modalités techniques de la stratégie d'amélioration génétique appliquée de *Pinctada margaritifera* en Polynésie française : production commerciale, approvisionnement, sécurisation génétique et sanitaire (ASSIST). Convention n°8556/VP/DRMM du 14 décembre 2018.
- 81- **Teissier, M.**, 2019. Création d'une puce d'assignation pour les espèces de canards Commun, Barbarie et Mulard. SYSAAF.
- 82- **Teissier, M.**, 2020. Rapport Programme CanArrayV² - Validation de la puce multi-espèce canard. SYSAAF.
- 83- **Teissier, M.**, 2020. Résultats puce d'assignation RefGenDivA.
- 84- **Teissier, M.**, 2019. Présentation du logiciel Wombat.

8 - Documents diplômants (Agents et Stagiaires encadrés)

- 85- Meunier L, 2019. Étude du système de reproduction de la mouche soldat noire, *Hermetia illucens*, Université François-Rabelais de Tours, Rapport de stage de Master 2. 20p (Encadrants SYSAAF : **Maxime Reverchon et Romuald Rouger**).
- 86- Moreau C, Réalisation d'un logiciel de comptage d'œufs de la mouche soldat noire, 2019, Ecole Polytechnique de Tours (Université François-Rabelais de Tours), Rapport de stage de première année. 20p. (Encadrant SYSAAF : **Maxime Reverchon**).
- 87- Bergeot M-A, 2019. État des lieux de la variabilité génétique des lignées avicoles gérées par le SYSAAF : Estimation de la taille efficace., Université François-Rabelais de Tours, Rapport de stage de Master 1. 20p. (Encadrant SYSAAF : **Nabeel Alnahhas & Romuald Rouger**).

9 - Documents internes et Rapports

- 88- **Guémené, D.**, 2019. Compte-Rendu du Conseil d'Administration du SYSAAF du 4 Février 2019. 8p et 2 annexes. Document interne (Communication orale et Diaporama [40 Diapositives]).
- 89- **Guémené, D.**, 2019. Compte-Rendu du Conseil d'Administration du SYSAAF du 22 Mai 2018. 10p et 2 annexes. Document interne (Communication orale et Diaporama [37 Diapositives]).
- 90- **Guémené, D.** 2019. Compte-Rendu du Conseil d'Administration du SYSAAF du 13 Juin 2018. 3p et 1 annexe. Document interne.
- 91- **Guémené, D.** 2018. Compte-Rendu du Conseil d'Administration du SYSAAF du 14 Novembre 2019. 6p et 2 annexes. Document interne. (Communication orale et Diaporama [27 Diapositives]).
- 92- **Guémené, D.** 2019. Procès-Verbal de l'Assemblée Générale Ordinaire du SYSAAF 13 Juin 2019. Oloron St-Marie (64), France. 14p et 17 annexes. Document interne (Communication orale et Diaporama)
- 93- **Guémené, D.** 2019. Compte Rendu d'Activité du SYSAAF 2018. 160p.
- 94- **Guémené, D.** 2019. Programme Génétique Avicole et Aquacole National 2018 (PNDAR). Action élémentaire 3 : Gestion du patrimoine zoogénétique et de la biodiversité d'espèces Avicoles et Aquacoles. Programme Génétique Animale CASDAR 775. 14p.
- 95- **Guémené, D.** 2019. Dossier CIR SYSAAF : Fiche descriptive du projet R&D conduit par le SYSAAF en 2018. 50p.

10 - Autres

- 96- Anonymous, 2019. First Selection 4.0 sea-bass and sea-bream fry released on the market in 2019 by the French FMD and EMG hatcheries to improve genetic resistance to three pathogens. Aquaculture Europe, September-October. 3-4.
- 97- **Bestin, A.**, 2019. La sélection génétique aquacole et le rôle du SYSAAF. BordeauxSciencesAgro, Master 2, Module « Reproduction et sélection », Gradignan, 13 février 2019.
- 98- Viénot E., 2020. Dernières avancées en matière de génomique. Filières Avicoles, Février 2020.

Annexe 5 : Formations suivies par les agents du SYSAAF en 2019

(Liste non-exhaustive)

Formations externes suivies par les agents du SYSAAF en 2019

- 1 Formation EBENE, Evaluation du bien-être animal. 1 journée, Mars 2019, **Maxime Reverchon.**
- 2 Formation administrateur site internet eZ Publish, 2 jours, septembre 2019, **Renard-Dewynter F.**
- 3 Formation pratique de l'anglais conversationnel, **Renard-Dewynter F.**
- 4 MAC SST, 21 septembre 2019, **Renard-Dewynter F.**
- 5 Formation initiale SST, **Romain Morvezen**
- 6 Formation Qualité INRA, outil EureQua, 1 journée, octobre 2019, **Renard-Dewynter F., Reverchon M.**
- 7 Conduite d'entretien annuel, 1 journée, décembre 2019, **Brard-Fudulea S.**
- 8 Zotero débutant, ½ journée, décembre 2019, **Brard-Fudulea S., Renard-Dewynter F.**
- 9 Langage R : Introduction, du 22 au 23 octobre 2019, **Schrieke H.**
- 10 Analyses NGS avec R, du 24 au 25 octobre 2019, **Schrieke H.**

Formations d'agents du SYSAAF dans le cadre de participations à des congrès et journées techniques en 2019

- 1 Journée de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras (JRA), ITAVI, Tours, 20-21 Mars 2019. (**Alnahhas N., Brard-Fudulea S., Desnoues B., Guémené D., Renard-Dewynter F., Reverchon M., Rouger M.**)
- 2 Journées du SFAMN (Syndicat pour l'Aquaculture Marine et Nouvelle), Montpellier, 21 Mars 2019. **François Y. Morvezen R., Griot R., D'Ambrosio J.**
- 3 International Finfish Sterility Workshop, Stirling, 26-27 Mars 2019. (**Enez F.**)
- 4 Colloque Animal Genetics and Diseases, Wellcome Genome Campus, Hinxton, Royaume-Uni, 8-10 Mai 2019. **François Y.**
- 5 Journée ITAVI pour les professionnels de la multiplication et de l'accoupage, Rennes, Juin 2019, **Maxime Reverchon.**
- 6 Journées de la Recherche Filière Piscicole, 02-03 Juillet 2019. (**Bestin A., Brard-Fudulea S., Enez F., Haffray P., Guémené D., Morvezen R., Patrice P.**)
- 7 Incubation and Fertility Research Group (IFRG), Tours, 28-30 Août 2019, **Maxime Reverchon.**
- 8 EAS 2019, Berlin, 07-10 Octobre 2019. (**Bestin A., Enez F.**)
- 9 Séminaire SelGen R2D2 sélection génomique, Obernai, 15-17 Octobre 2019. **Brard-Fudulea S.**
- 10 European Symposium on Poultry genetics (ESPG), Prague 23- 25 Octobre 2019 (**Rouger R.**)
- 11 2^{èmes} Journées Techniques Génomique du SYSAAF, Rennes, 13-14 Novembre 2019 (**Akakpo R., Bestin A., Brard-Fudulea S., D'Ambrosio J., Desnoues B., Enez F., Eklouh-Molinier C., Griot R., Guémené D., Haffray P., Morvezen R., Patrice P., Renard-Dewynter F., Rouger R., Teissier M.**)

Formations organisées en interne suivies par les agents du SYSAAF en 2019

- 1 Formation au logiciel INFAQUA : Partie Novice, SYSAAF, Rennes, 01-03 avril 2019. **Rouger R.**
- 2 Utilisation des données de séquence RAD-Seq, 2 jours, mars 2019 (**Brard-Fudulea S., Morvezen R., Enez F., François Y.**)

Annexe 6 : Formations et enseignements organisés et/ou assurés par les agents du SYSAAF en 2019

- 1 La sélection génétique aquacole et le rôle du SYSAAF. Bordeaux Sciences Agro, Master 2, Module « Reproduction et sélection », Gradignan, 13 février 2019. **Bestin, A.**
- 2 Utilisation des données de séquence RAD-Seq, 2 jours, mars 2019, **Fraslin C.**
- 3 Formation au tri qualité échographique sur truite. Viviers de Sarrance, Sarrance, 19 mars 2019. **Morvezen, R.**
- 4 Formation à l'utilisation du logiciel InfAqua, 1-3 Avril 2019, **Patrice, P.**
- 5 Formation aux techniques de génétique dans le cadre de la lutte contre les trafics d'oiseaux (Formation TRAFIC, 7-11 Octobre 2019), 10 Octobre 2019., **Rouger, R.**
- 6 2^{èmes} Journées Techniques Génomique du SYSAAF, Rennes, 13-14 novembre 2019, **Brard-Fudulea S., D'Ambrosio J., Enez F., Eklouh-Molinier C., Griot R., Guémené D., Haffray P., Morvezen R.**
- 7 Formation au tri croissance OSO farming, Parc National des Tsingy de l'Ankarana Province de Diégo-Suarez, Madagascar, 21-29 novembre 2019. **Morvezen R.**
- 8 Sélection Avicole, ½ journée, Bordeaux Sciences Agro – spécialité Productions Animales. **Brard-Fudulea S.**
- 9 Formation au logiciel INFQUA selon les besoins des adhérents. 4 jours, **Patrice P.**
- 10 Formation au logiciel INFVI selon les besoins des adhérents. 4 jours, **Desnoues B.**
- 11 BordeauxSciencesAgro. 3^{ème} Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. Bien-être au sein des filières avicoles : De la recherche à la finalisation. 18 Septembre 2019. (**Daniel Guémené**).
- 12 BordeauxSciencesAgro. 3^{ème} Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. Bien-être au sein des filières avicoles : Les systèmes d'élevage pour poules pondeuses : Le vent du changement confronté aux enseignements de l'expérimentation ? 18 Septembre 2019. (**Daniel Guémené**).
- 13 Better Training for Safer Food - SANCO Training [BTSF- SANCO Training In "Animal Welfare in broiler production"]. Tutorat d'une session de formation destinée aux autorités compétentes des pays européens d'une durée de 4 jours [organisées à la requête de la Commission Européenne]. Présentation orale - Welfare problems in broilers caused by the genetic factors and the resistance of stress in commercial broilers. Nunspeet, The Netherlands [May 14th-17th, 2019]. (**Daniel Guémené**).
- 14 Better Training for Safer Food - SANCO Training [BTSF- SANCO Training In "Animal Welfare in broiler production"]. Tutorat d'une session de formation destinée aux autorités compétentes des pays européens d'une durée de 4 jours [organisées à la requête de la Commission Européenne]. Présentation orale - Welfare problems in broilers caused by the genetic factors and the resistance of stress in commercial broilers. Nunspeet, The Netherlands [October 15th-18th, 2019]. (**Daniel Guémené**).

Annexe 7 - Thèses en cours de réalisation par des doctorants salariés du SYSAAF en 2019

- **Jonathan d'Ambrosio** (2017-2020). **Titre** : Sélection génomique chez la truite arc-en-ciel. Encadrement par Florence Phocas et Mathilde Dupont-Nivet (INRA). **En cours**. [Contrat CIFRE]
- **Ronan Griot** (2018-2021) Développement d'outils et méthodes de sélection génomique pour le bar et la daurade. Encadrement par Marc Vandeputte (INRA), François Allal (Ifremer) et Sophie Brard-Fudulea (SYSAAF). **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 (INRA). [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 (INRA). 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 (nodavirose 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 (corticotérostéone 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 écloséries 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 8 : Analyse de ploïdie par cytométrie de flux

Ce service pris en charge par l'ensemble des agents de la section aquacole de Rennes permet aux adhérents de contrôler le niveau de ploïdie de leurs lots de production (triploïdie pour garantir la stérilité des lots). De l'ordre de 8500 individus ont été testés en 2019, représentant 179 heures de travail cumulé (Figure 1). Des analyses sont programmées tout au long de l'année (Figure 2). Il y a eu une suspension du service d'analyse de ploïdie en 2019 le temps de changer d'appareil (Figure 4), le modèle précédent ayant dépassé sa fin de vie. Trois entreprises salmonicoles ont sollicité ce service de contrôle de ploïdie (Figure 3). Suite au changement de cytomètre de flux, les analyses ne portent à présent que sur des alevins. Outre la truite arc-en-ciel (97,1% des analyses) et la truite fario (0,5%), des saumons de fontaine ont également été analysés en 2019 (2,4%). Par ailleurs, des contrôles de ploïdie ont été réalisés dans le cadre de programmes de recherche sur l'esturgeon sibérien (Figure 5).

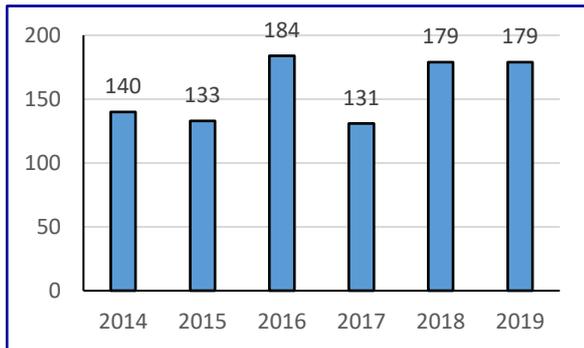


Figure 1 : Nombre d'heures d'analyses

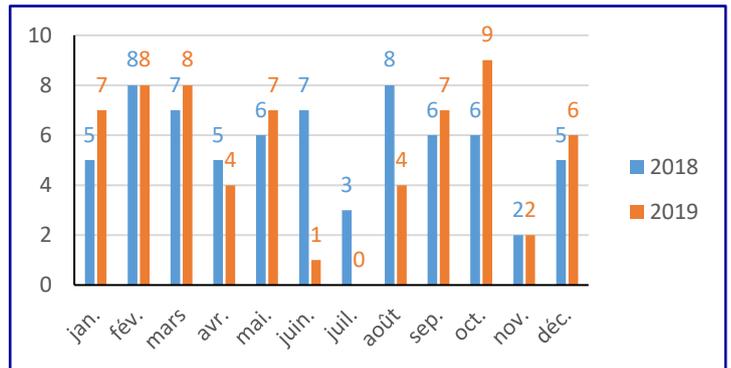


Figure 2 : Nombre de sessions de cytométrie mensuel

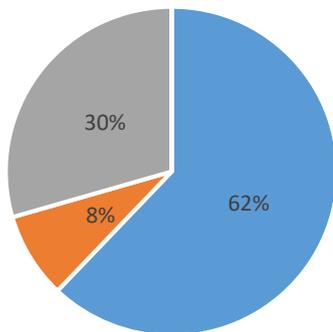


Figure 3 : Volume d'analyses par adhérent



Figure 4 : Le nouvel appareil Cyflow Cube 6 de Sysmex



Figure 5 : Esturgeons sibériens pour analyse de ploïdie

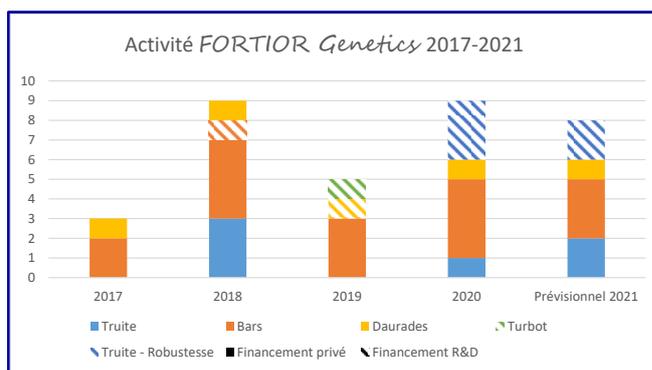
Annexe 9 : FORTIOR Genetics, une plate-forme pour améliorer la résistance des poissons d'élevage aux maladies par sélection génétique.

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. 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.



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



Annexe 10 : Liste des Activités de Gestion Administratives et Financières

La liste des activités de gestion administrative et financière à assumer au sein du SYSAAF est importante et leur diversité nécessite la mise en œuvre de compétences variées. L'ensemble des agents est ponctuellement concerné, mais ces activités ont pour l'essentiel été assumées en 2019 par Rosine Richer, Marie-Christine Constantin et Daniel Guémené, ainsi que par Pierrick Haffray pour des dossiers concernant plus spécifiquement le secteur aquacole et Frédérique Renard-Dewynter pour ceux concernant la communication et les outils collectifs de management. Ces différentes activités sont diversement chronophages et complexes, mais la gestion des programmes de recherche, notamment ceux dont le SYSAAF est porteur, l'est tout particulièrement. Les activités peuvent être réparties selon les rubriques suivantes :

Secrétariat de Direction

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

Gestion Comptable

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

Gestion financière

- Suivi de trésorerie (RR),
- Gestion de flux et de soldes bancaires (RR),
- Rapprochements bancaires (RR).
- Élaboration de tableaux de suivis et déclaration sur les projet CIR (Crédit impôts recherche) (RR & MCC)

Gestion analytique

- Budgets prévisionnels (RR).

Gestion Fiscale

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

Gestion administrative

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

Gestion des ressources humaines

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

Veille juridique

Annexe 11 : Liste et nature des implications d'agents ou adhérents du SYSAAF présents dans les instances décisionnelles de structures partenaires en 2019

- **AGENAVI** : Conseil d'Administration - **D. Guémené**,
- **Anses** : Comité d'Orientation Thématique (COT) - **D. Guémené**,
- **CIP** : Conseil d'Administration - **D. Guémené**,
- **CIFOG** : Club des Amoureux du Foie Gras - **D. Guémené**,
- **CNAG** : Commission Nationale d'Amélioration Génétique
 - o Membres du comité consultatif pour l'espèce porcine, les lapins, les volailles et les espèces élevées dans des exploitations aquacoles :
 - **M. Blanchet**,
 - **D. Guémené**,
 - **E. Mazeiraud**,
 - **B. du Mesnildot**,
 - **L. Salles**,
 - o Membres de la commission permanente restreinte inter-espèce de la CNAG
 - **D. Guémené**,
 - **E. Mazeiraud**.
 - o Membres de la commission scientifique de la CNAG
 - **D. Guémené**,
- **CSNPFG** : Membre - **D. Guémené**,
- **EFFAB & Fabre TP** : Représentants - **D. Guémené & P. Haffray**,
- **FRB** : Comité d'Orientation Stratégique (COS) - **D. Guémené**,
- **GIS Cryobanque Nationale** : Conseil de Groupement - **A. Bailliard**, puis **M. Reverchon**
- **GIS Avenir-Elevage** : Comité Stratégique - **D. Guémené** (Suppléante : S. Brard Fudulea) & Directoire opérationnel - **S. Brard Fudulea** (Suppléant :)
- **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**,
- **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**,
- **WPC 2020** (World Poultry Congress), **Congrès 2020, Paris**. Organisation : **Branche Française de la WPSA** : Comité d'organisation et Comité Scientifique - **D. Guémené**,

Annexe 13 : Ordre du Jour de l'Assemblée Générale Ordinaire du SYSAAF 2019

8 h 15 : Accueil dans la salle de réunion

8 h 30 : Assemblée Générale Ordinaire :

- Ouverture par M. Bernard ALLETRU (Président du SYSAAF) & Comptes rendus annuels,
- Rapport d'activité 2018, illustré au travers de quelques faits marquants de l'année 2018 (30 mn),
- Demandes d'adhésions,
- Renouvellement de 5 administrateurs,
- Rapport financier (60 mn)
 - ~ Présentation des Comptes 2018,
 - ~ Rapport du Commissaire aux Comptes,
 - ~ Approbation des Comptes 2018,
 - ~ Quitus au Trésorier,
 - ~ Affectation des résultats,
 - ~ Présentation et adoption du Budget Prévisionnel 2019,
 - ~ Tarifications des cotisations et prestations 2020.
- Questions diverses (5 mn).

10 h 45 : SYSAAF'Actu...

- De nouvelles compétences au SYSAAF (salariés SYSAAF CDI & CDD SYSAAF) (3-5 mn x 2)
- Ma thèse au SYSAAF en 180 secondes (3 mn x 1)

11 h 00 : Thèmes d'actualité :

- Vision humaniste versus animaliste : un enjeu de société par Matthieu La Fay ;
Directeur associé ComPublics – Asso. Forum Hommes, Animaux, Société...
- «New Breeding Technology » : état des lieux et perspectives en Europe et dans le monde
Par Ana Granados-Chapatte ; Directrice EFFAB

12 h 30 : Clôture de l'Assemblée Générale Ordinaire

12 45 : Conseil d'Administration (réservé aux administrateurs : ordre du jour spécifique)

En complément journée technique du mercredi 12 juin 2019

14 h 00 : Accueil par Frédéric et Yohan Cachelou à la pisciculture de Sarrance Société Les Viviers de Sarrance

14 h 00 à 15 h 00 : Visite de la pisciculture de Sarrance

15 h 00 à 16 h 00 : Trajet de Sarrance à Rébénacq

16 h 00 à 17 h 00 : Visite de la pisciculture de Rébénacq

18 h 00 à 19 h 30 : Visite de la cave de Jurançon à Gan

19 h 30 : Retour à l'hôtel Alysson

20 h 00 : Dîner au restaurant le Pastoral (hôtel Alysson)

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
CA : Conseil d'Administration
CASDAR : Compte d'Affectation Spéciale de Développement Agricole et Rural
CCHS : Comité Central Hygiène et Sécurité
CIFOG : Comité Interprofessionnel du Foie-Gras
CIFRE : Convention Industrielle de Formation par la Recherche
CIP : Comité Interprofessionnel de la Pintade
CIPA : Comité Interprofessionnel des Produits de l'Aquaculture
CIR : Crédit Impôt Recherche
CITES : Convention on International Trade in Endangered Species
CNAG : Commission Nationale d'Amélioration Génétique
CNC : Comité National de la Conchyliculture
CNPO : Comité National pour la Promotion de l'Oeuf
CNRS : Centre National de Recherche Scientifique
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
INRA : Institut National de la Recherche Agronomique
INRAE : Institut National de la Recherche Agronomique et Environnementale (Organisme issu de la fusion de l'INRA 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
OPPI : Outil de Pilotage de la Prévention à l'INRA
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 INRA)
PME : Petite et Moyenne Entreprise
PNDAR : Programme National de Développement Agricole et Rural
POM : Pays d'Outre-Mer
PRC : Physiologie de la Reproduction et du Comportement (Unité de Recherche 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 Ecloeurs 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 : *D. Guémené*
Co-rédacteurs : *F. Renard-Dewynter, S. Brard-Fudulea & P. Haffray*



Avec les contributions de :

R. Akakpo, J. d'Ambrosio, N. Alnahhas, A. Bestin, M. Besson, M-A Bergeot, C. Blay, M. Charrier, M-C Constantin, B. Desnoues, C. Eklouh-Molinier, F. Enez, Y. François, R. Griot, A. Jourdan, G. Labbé, R. Morvezzen, H. Schrieke, P. Patrice, M. Reverchon, R. Richer, R. Rouger & M. Teissier.