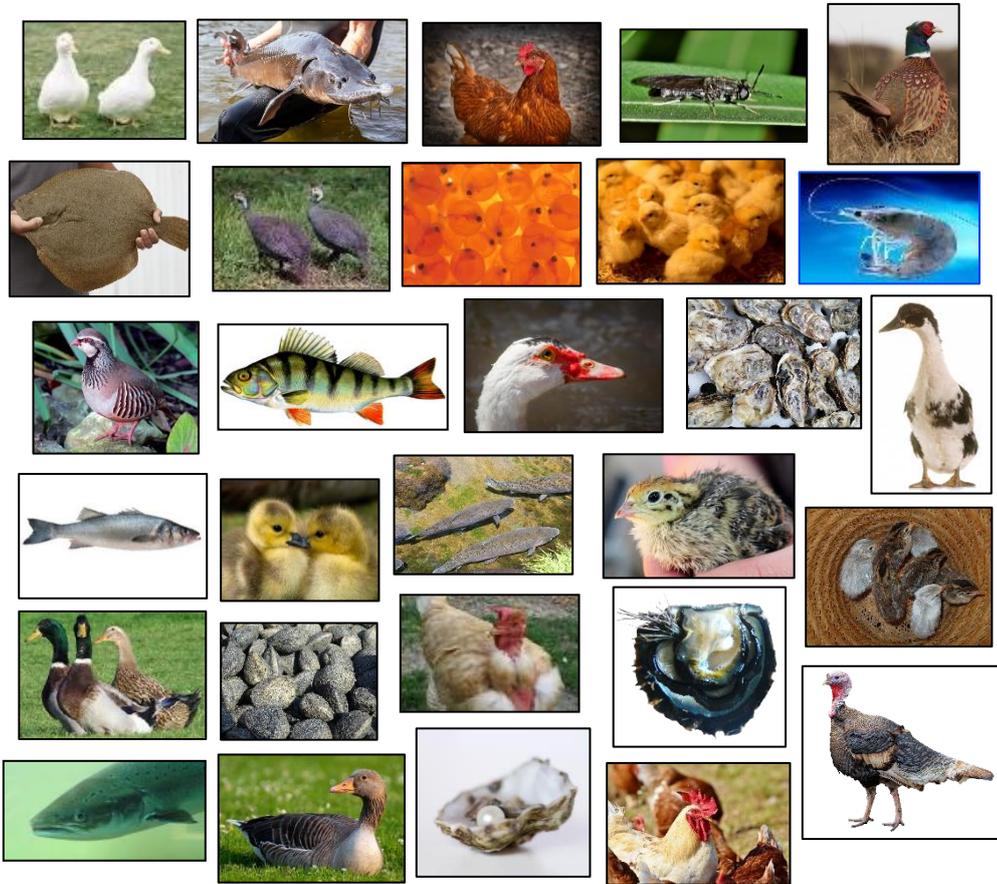




Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français

RAPPORT ANNUEL D'ACTIVITÉ 2021







| | |
|--|-----------|
| INTRODUCTION | 6 |
| I - CONTEXTE NATIONAL DANS LEQUEL S'INSCRIT L'ACTION DU SYSAAF | 8 |
| II - ORGANISATION FONCTIONNELLE DU SYSAAF | 15 |
| 2-1 Gouvernance | 15 |
| 2-2 Assemblée Générale Annuelle | 16 |
| 2-3 Ressources humaines | 18 |
| 2-3-1 Des effectifs croissants et des compétences renouvelées :..... | 18 |
| 2-3-2 Une organisation fonctionnelle en deux sites principaux, en services et transversalités..... | 19 |
| 2-3-3 Une démarche qualité..... | 19 |
| 2-3-4 La formation professionnelle, la sécurité au travail et le dialogue social | 21 |
| 2-4 Ressources financières | 22 |
| 2-4-1 Budget et comptes annuels 2021..... | 22 |
| 2-4-2 Trésorerie | 24 |
| 2-4-3 Tarifs des prestations aux adhérents en 2021 | 24 |
| 2-5 Adhérents | 24 |
| 2-6 Statistiques de gestion des espèces et des races et lignées | 31 |
| III - MISSIONS ET ACTIVITES DE R&D DU SYSAAF | 33 |
| 3-1 Appui technique à la sécurisation de la diversité génétique et à la sélection génétique | 36 |
| 3-1-1 Sélection génétique | 36 |
| 3-1-2 Appui à la Sauvegarde des races locales de volailles | 37 |
| 3-1-3 Caractérisation de lignées double-fin..... | 38 |
| 3-1-4 Cryopréservation de ressources biologiques avicoles et aquacoles | 39 |
| 3-2 Recherche de nouvelles méthodes de phénotypage bas et haut-débit et/ou optimisation pour quantifier des caractères d'intérêt | 41 |
| 3-2-1 Objectifs du projet..... | 41 |
| 3-2-2 Etat de l'art, aléas, incertitudes scientifiques, verrous technologiques, démarche expérimentale, travaux de recherche réalisés..... | 42 |
| 3-2-2-4 Réalisation de challenges à 2 pathogènes en co-infection | 44 |
| 3-2-3 Références citées..... | 61 |
| 3-2-4 Acquisition de connaissances | 61 |
| 3-3 Développement de ressources génomiques et création et/ou optimisation d'outils de génotypage | 63 |
| 3-3-1 Objectifs du projet..... | 63 |
| 3-3-2 État de l'art | 64 |
| 3-3-3 Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques | 65 |
| 3-3-4 Travaux de recherche réalisés, démarche expérimentale | 66 |
| 3-3-5 Références bibliographiques citées pour l'axe 2A | 69 |
| 3-3-6 Acquisition des connaissances | 71 |
| 3-4 Création d'outils de génotypage haut débit spécifiques, et sélection des populations avicoles, aquacoles et entomocoles | 72 |
| 3-4-1 Objectifs du projet..... | 72 |
| 3-4-2 État de l'art | 73 |
| 3-4-3 Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques | 75 |
| 3-4-4 Travaux de recherche réalisés, démarche expérimentale | 76 |
| 3-4-6 Acquisition des connaissances | 91 |
| 3-4-7 Références bibliographiques citées pour l'axe 2B | 92 |
| 3-5 Recherche pour l'optimisation des outils informatiques et des méthodes statistiques | 94 |
| 3-5-1 Objectifs du projet..... | 94 |
| 3-5-2 Etat de l'art, Aléas, Incertitudes scientifiques & Verrous technologiques..... | 94 |
| 3-5-3 Travaux de recherche, Démarche expérimentale & Résultats acquis | 94 |



| | |
|---|------------|
| IV - AUTRES MISSIONS ET SERVICES DU SYSAAF..... | 101 |
| 4-1 Référentiel et Audits | 101 |
| 4-2 Prestations et/ou Services adhérents et externes | 102 |
| 4-3 Service analyse de ploïdie chez les espèces aquacoles | 102 |
| 4-4 Service d'appui à la réalisation de génotypage et séquençage | 102 |
| 4-5 Service de formation professionnelle et enseignements dispensés | 102 |
| 4-6 Communication | 103 |
| V - PARTENARIATS DU SYSAAF..... | 104 |
| 5-1 Les partenariats institutionnels | 104 |
| 5-2 Les partenariats les organismes de Recherche et de Développement | 104 |
| 5-3 Les partenariats avec les partenaires du secteur privé | 105 |
| VI - QUELQUES PERSPECTIVES POUR 2022 PAR M. SOURDIOUX..... | 106 |



Ce rapport présente les différentes activités du SYSAAF et les faits marquants de l'année 2021. Il s'adresse en premier lieu aux adhérents du SYSAAF. Il constitue également un justificatif pour les engagements pris dans le cadre de la convention relative à la réalisation de l'action élémentaire 3 "Gestion optimisée du Patrimoine Zoogénétique d'Espèces Avicoles et Aquacoles" du Programme CASDAR 775 établi entre FranceAgriMer et le SYSAAF [PNDAR : 2014-2020, convention prolongée jusqu'en 2021].

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

Ce rapport constitue donc le document de référence pour les aspects techniques du procès-verbal de l'AG et apporte un éclairage sur les perspectives d'évolutions à venir, tant organisationnelles que fonctionnelles.

Chaque programme en cours fait également l'objet d'une fiche de synthèse présentée dans un document annexe intitulé : Les programmes de R&D au SYSAAF en 2021.

Enfin, un deuxième document annexe répertorie toutes les publications, les communications, les participations aux congrès, aux commissions d'études ou instance de concertation etc... Document intitulé : Liste des publications scientifiques, résumés de thèse et formations du SYSAAF en 2021.



Introduction

Le SYSAAF (Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français) est une association de statut "Syndicat professionnel" (Loi du 21 Mars 1884) qui regroupe des entreprises et associations, développant des programmes d'amélioration génétique à des fins commerciales ou de gestion génétique de populations, lignées ou races d'espèces avicoles, aquacoles et depuis peu entomocoles. A l'instar des instituts techniques IDELE et IFIP pour les espèces de mammifères domestiques, le SYSAAF est en charge d'une action élémentaire du programme CASDAR-775 qui s'inscrit dans le Programme Génétique Animale, du Programme National de Développement Agricole et Rural [PNDAR : 2014-2020, prolongé jusqu'en 2021] ; en l'occurrence l'action élémentaire 3 intitulée "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* et *ex situ* (cryopréservation). Pour exercer cette mission spécifique, le SYSAAF bénéficie d'une délégation de la part de l'ITAVI (Institut Technique de l'Aviculture), dont l'autorisation a été renouvelée en 2017 par le Ministère en Charge de l'Agriculture pour une période de 5 ans (2018-2022), après avis favorable de la Commission Nationale d'Amélioration Génétique (CNAG).

Plus largement, le SYSAAF, par une approche collective, originale et unique au monde, en mutualisant des compétences, des méthodes et des outils, a apporté en 2021 un appui technique à 34 adhérents (ou assimilés), majoritairement des PME et TPE, qui mettent en œuvre des programmes de gestion ou d'amélioration génétique rigoureux et optimisés à des fins commerciales ou de maintien de la biodiversité, et s'appliquant à plus d'une 100^{aine} de populations, lignées ou races pures, d'une 30^{aine} d'espèces différentes (avicoles (9), aquacoles (17) et entomocole (2)). 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 incubation (OAC), naissains, alevins, poussins, volailles de chairs, poissons portions, gibiers, coquillages, produits de découpe, produits transformés (fumés, salés, plats préparés), productions emblématiques comme le foie-gras, les huîtres et le caviar (d'esturgeon ou truite), ou enfin des productions de matières premières pour l'alimentation animale.

Ces productions génèrent directement ou indirectement une activité économique conséquente représentant souvent l'intégralité du marché français et des volumes significatifs à l'export. Les filières avicoles et aquacoles occupent une place importante dans la balance commerciale de la génétique française. Une étude conduite au sein de la CTI-RZ en 2021, à laquelle le SYSAAF a activement participé, a permis entre autres d'actualiser les chiffres de l'excédent de balance commerciale de la génétique avicole produite en France pour l'année 2020. Les filières avicoles représentent le tiers de cet excédent avec 106,6 millions d'euros sur les 308,9 millions d'euros enregistrés pour l'ensemble des filières génétiques animales (hors aquaculture). Outre cet aspect économique, 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. Au-delà des filières avicoles et aquacoles, le SYSAAF s'engage, avec l'arrivée d'entreprises de production d'insectes, dans le soutien génétique d'une filière émergente d'avenir, dont les potentiels pourraient renouveler les visions de l'alimentation animale et de la durabilité des systèmes agricoles.

Enfin, le SYSAAF, dans un rôle d'interface entre la recherche et les acteurs du terrain, initie et contribue au montage et à la réalisation de programmes de recherche développement et d'innovation dans les domaines de la reproduction et de la génétique, contribuant à la mise en œuvre de technologies et méthodes innovantes et diversifiées dont les impacts sur les activités des entreprises et associations adhérentes sont primordiaux.

Les activités du SYSAAF répondent ainsi à 4 grandes missions :

1 - Assurer un appui technique à la mise en œuvre de programmes de gestion génétique, aux acteurs qui le souhaitent. Celui-ci inclut l'appui à la mise en place de dispositifs et schémas de sélection



adaptés, afin d'assurer une bonne gestion de la diversité génétique et de permettre l'évaluation génétique des reproducteurs candidats à la sélection, puis leur choix et l'établissement de plans d'accouplement spécifiques.

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

- réalisant des travaux de recherche et développement finalisés, en partenariat, avec des organismes de recherches compétents, dont l'INRAE, l'Ifremer, l'Anses, le CNRS, de partenaires privés de la R&D et les adhérents du SYSAAF,
- développant un savoir-faire technique et méthodologique,
- transférant ces savoir-faire et les innovations issues de la recherche auprès des entreprises adhérentes et inversement en sollicitant nos partenaires de la recherche sur des problématiques issues du terrain.

3 - **Assurer l'accès à des services dédiés** permettant d'optimiser les démarches de nos adhérents comme (1) des prestations spécifiques, (2) un service d'audit et de certification de leurs processus et outils de sélection, (3) des formations, ou encore des informations issues de la bibliographie ou de congrès. Le SYSAAF développe également des partenariats pour leur mettre à disposition des services de prestations spécialisées auprès de plateformes externalisées, tel que la cryoconservation de leurs ressources génétiques, le séquençage, le génotypage et l'assignation de parenté par empreintes génétiques, le stockage d'échantillons biologiques, la réalisation de challenges pathologiques maîtrisés en milieux confinés (Fortior-Genetics) ou de mesures physicochimiques mettant en œuvre des méthodes spectrométriques (SpecGen). Des salariés du SYSAAF sont actuellement mis à disposition auprès de certaines plateformes externalisées pour prendre en charge les activités dédiées aux adhérents du SYSAAF (Fortior-Genetics, SpecGen).

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



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

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

Le syndicat professionnel, créée en 1952 sous le nom de SNAA (Syndicat National des Aviculteurs Agréés) à l'initiative du Ministère en charge de l'Agriculture, dont nous célébrons en cette année 2022 le 70^{ème} anniversaire, a initialement assumé des fonctions généralistes au profit de multiplicateurs et accoueurs de la filière avicole. Le SNAA, dont l'objet était de contribuer à la structuration de la filière avicole, a rapidement fédéré plus d'une 100^{aine} d'acteurs. Une archive de 1961 identifie 102 entreprises agréées, dont 14 au titre de sélectionneur-multiplicateur mettant en œuvre des programmes de sélection généalogique et 4 en sélection massale, les autres étant agréées comme multiplicateurs et/ou 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'INRAE et du Ministère en charge de l'Agriculture. Initialement limités à la filière truiticole, le secteur aquacole regroupe aujourd'hui des entreprises de sélection d'autres espèces piscicoles d'eau douce et marines, mais également conchylicoles et crevettecoles, ainsi que des acteurs de la restauration écologique et du repeuplement. Depuis 2019, le SYSAAF compte également parmi ses adhérents, des représentants du secteur entomocole, prémisses d'une nouvelle page de la longue histoire du SYSAAF.

Aujourd'hui, le SYSAAF apporte un appui technique à 36 de structures, dont 34 adhérents ou assimilés en 2021, mettant en œuvre des programmes de sélection et gestion génétique des filières avicoles, aquacoles et entomocoles. Cette activité s'inscrit dans le contexte de la loi sur les animaux d'élevage de 2006 et est exercée pour partie dans le cadre d'une délégation de responsabilités accordée par l'Institut Technique de l'Aviculture (ITAVI), après autorisation par les services du Ministère de l'Agriculture [DGPE - Direction Générale de la Performance Économique et Environnementale des Entreprises - Bureau du Lait, des Produits Laitiers et de la Sélection Animale], sur avis favorable de la CNAG (Commission Nationale d'Amélioration Génétique) (Arrêté du 31 juillet 2007). Cette délégation d'activité a été prorogée pour une période de 5 ans à compter du 1^{er} janvier 2018 (2018-2022), sur avis favorable de la CNAG du 23 Mai 2017. C'est dans ce cadre contractuel que le SYSAAF est impliqué, au travers de l'action élémentaire 3 "Gestion optimisée du Patrimoine Zoogénétique d'Espèces Avicoles et Aquacoles", dans la mise en œuvre de la politique nationale de gestion des ressources génétiques qui s'inscrit dans le "Programme pluriannuel du Progrès Génétique Animal 2014-2020, prolongé en 2021". Celui-ci est défini en cohérence avec les objectifs du Programme National de Développement Agricole et Rural (PNDAR) et partiellement financé par le Compte d'Affectation Spéciale Développement Agricole et Rural (Programme CASDAR-775).

Les activités du SYSAAF dépassent cependant largement les limites de ce cadre, pour des espèces non soutenues par ce dispositif (mollusques, crevettes, insectes) ou pour des actions de recherches (figure I.1).

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

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

La CTI-RZ s'est réunie à cinq reprises en 2021 (12-02, 17-06, 03-09, 14-10 et 12-11). Ce rythme soutenu de réunions est en particulier le fait de deux actualités importantes en 2021. D'une part, le groupe de



travail sur l'économie des filières génétiques, créé en 2020, auquel participaient Pierrick Haffray et Michel Sourdioux pour les filières génétiques aquacoles et avicoles, a rendu une première synthèse de ces travaux. Ils ont pu être présentés lors d'une conférence débat au Sommet de l'Élevage à Cournon le 5 octobre 2021, ainsi que lors des Journées Techniques Inter-Filières du SYSAAF le 20 octobre 2021. D'autre part, la présentation par le Ministère du nouveau PNDAR 2022-2027 a fait l'objet de nombreuses discussions et de réunions parallèles à ces CTI afin d'aboutir aux notices finales pour la déclinaison de leur mise en place.

"Dépôt du PNDAR 2022-2027"

L'année 2021 est donc marquée par la parution du nouveau PNDAR. Le SYSAAF a de fait déposé un nouveau projet pour cette programmation 2022-2027. Il a nécessité sur le dernier trimestre 2021 un long travail de réflexion en interne SYSAAF, ainsi qu'avec l'ITAVI, en particulier afin de définir et coordonner les actions à mener dans un objectif de cohérence globale.

Trois actions élémentaires (AE) seront ainsi prévues dans ce nouveau programme, marquant à la fois une continuité dans le travail déjà réalisé jusqu'en 2021 mais aussi une orientation forte vers la prise en compte du changement climatique et des orientations agroécologiques de l'élevage français. Les trois actions élémentaires 2022-2027 élaborées sont :

- AE1 : Gestion de la biodiversité pour soutenir la diversification des productions avicoles et piscicoles ;
- AE2 : Etude de phénotypes à objectif « agroécologique » pour leur implémentation dans les programmes de sélection dans un contexte de changement climatique ;
- AE3 : Ingénierie génétique pour le maintien de la compétitivité des acteurs de la filière.

En parallèle à cette réflexion en filière (avicole et piscicole), la parution du nouveau PNDAR a incité et permis des réflexions transversales et interfilières.

Ces discussions ont permis de faire émerger avec la filière apicole un projet commun ITSAP-SYSAAF pour la mise en place d'un schéma de sélection national de l'abeille permettant de tirer le meilleur parti des compétences et du positionnement des deux structures.

(A l'heure où nous écrivons ces lignes, la DGPE et FranceAgriMer ne se sont pas prononcés sur la pertinence des deux programmes proposés, ITAVI-SYSAAF et ITSAP-SYSAAF).

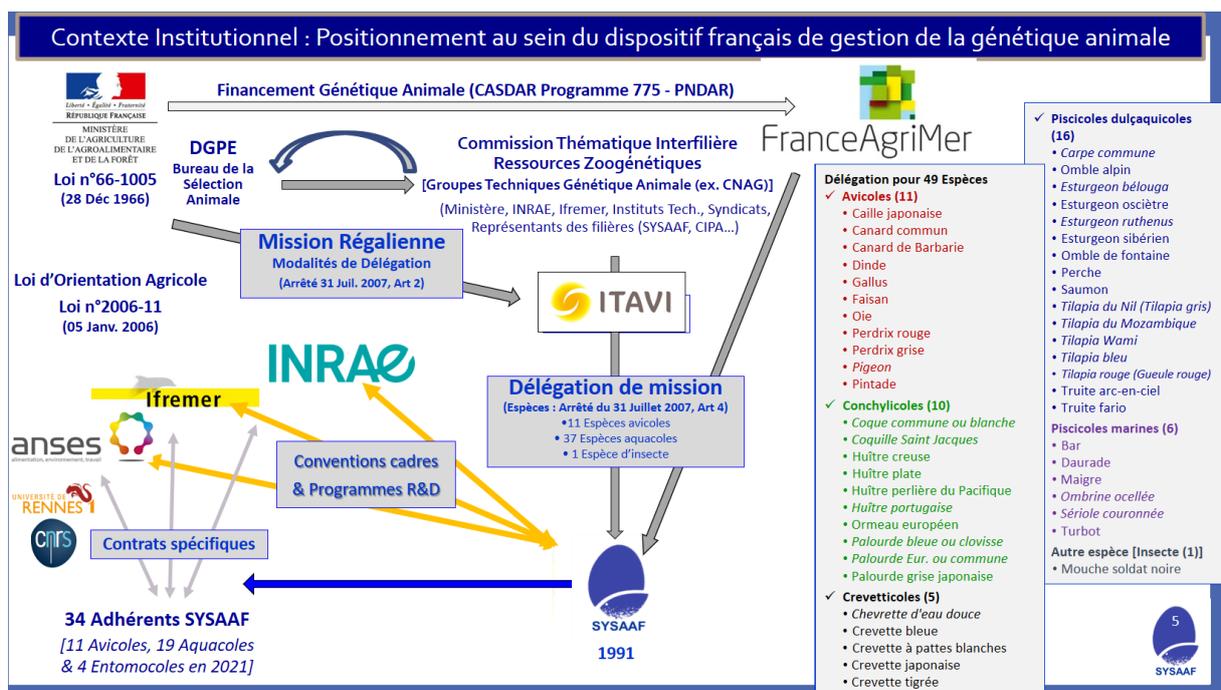


Figure I.1 : Organisation du dispositif français d'amélioration génétique des espèces avicoles et piscicoles. (Les



autres filières accompagnées par le SYSAAF, mollusques, crevettes, insectes sont hors dispositif génétique national)

« La délégation de mission et l'implication avec les Instituts »

La délégation de mission concerne une liste spécifique d'opérations (Tableau I.1) correspondant aux finalités en matière d'amélioration et de gestion des ressources zoogénétiques se rattachant à l'action élémentaire 3 du PNDAR 2014-2020 prolongé en 2021. Les ressources zoogénétiques concernées par cette délégation font l'objet d'une liste positive de 49 espèces (Tableau I.2) mais, seules les 11 espèces avicoles et 22 piscicoles s'inscrivent dans le cadre du programme CASDAR 775. Les 49 espèces ne font par ailleurs pas toutes l'objet de programmes de sélection généalogique, mais cette démarche d'identification des espèces dans le cadre de la délégation permet de porter à la connaissance du Ministère en charges de l'Agriculture, les espèces pour lesquelles des populations font l'objet de programmes de domestication ou de gestion et sont susceptibles de faire l'objet de programme de sélection à plus ou moins long terme.

Dans le nouveau cadre législatif retenu pour la programmation 2022-2027, cette délégation est transformée en coréalisation à partir de 2022. Le nouveau programme CASDAR 775 a été déposé en décembre 2021 par l'ITAVI pour le SYSAAF, reconnu comme le coréalisateur à 100% des actions génétiques de l'Institut. Cette nouvelle démarche, souhaitée par le Ministère, vise en particulier à resserrer les liens entre les différents partenaires et à inciter à plus de transversalité entre filière pour répondre aux grands enjeux de cette nouvelle période.



Tableau I.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 I.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, pintadine, méléagrine, huître perlière à lèvres noires, nacre à perles noires, huître perlière du Pacifique, nacre ou nacre à coquille noire | <i>Pinctada margaritifera</i> | |
| | Coquille Saint Jacques | <i>Pecten maximus</i> | |
| | Coque commune ou Coque blanche | <i>Cerastoderma edule</i> | |
| | Palourde bleue ou 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> | |
| | Omble 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 urolepis</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>) | |
| | Omble 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> | |
| | Ombrine ocellée | <i>Sciaenops ocellatus</i> | CNAG du 7 avril 2010 Extension Délégation |
| | Sériole couronnée | <i>Seriola dumerili</i> | CNAG du 19 Mai 2017 Extension Délégation |

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



« Les filières bénéficiant de l'appui du SYSAAF »

▪ Les filières avicoles en France

Les productions avicoles françaises recouvrent de nombreuses spécificités, avec une diversité des espèces et génétiques mises en œuvre unique au monde (Gallus chair et ponte, dinde, canard de barbarie, canard pékin, canard mulard, oie à rôtir et à foie-gras, pintade, caille, pigeon, faisan, perdrix rouge et grise), des spécificités dans l'utilisation de certaines espèces (canard de barbarie et canard mulard, pintade, caille, gibiers) ou génotypes (Dinde médium, reproductrices Gallus chair nanifiés ou à croissance lente, pondeuses à œufs roux, races locales pour plusieurs espèces), associées à une diversité des modes de production utilisés (Conventionnels, avec ou sans accès à un parcours, ateliers de gavage, lâchés de gibiers) et des produits issus (poulets labels, chapons, poulardes, foie-gras, magret, gibiers).

▪ Les filières aquacoles en France

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

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

▪ Les productions entomocoles en France.

Ce domaine constitue un nouveau challenge dans le secteur des productions animales, tant au niveau national, qu'international. Les enjeux sont divers en fonction des types de filières, avec historiquement les productions apicoles (miel et gelée royale, sans oublier le rôle de pollinisateur des abeilles), la gestion et amélioration génétique des insectes auxiliaires pollinisateurs (bourdon) et protecteurs des cultures (chrysopes, trichogrammes, coccinelles, etc...) et plus récemment la domestication d'insectes destinés à la valorisation de sous-produits agricoles et agro-alimentaires en farines protéiques (*Hermetia*, *Ténébrion*).

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 de l'ensemble de ces filières. Indirectement, le SYSAAF contribue ainsi à faire en sorte que les éleveurs français puissent continuer à bénéficier de possibilités d'approvisionnements répondant à leurs besoins. Le maintien de cette grande diversité et du niveau d'excellence est clairement un enjeu pour les années à venir.



II - Organisation fonctionnelle du SYSAAF

2-1 Gouvernance

Statutairement (statuts adoptés par l'AG le 10 juin 2010), la gouvernance du SYSAAF est exercée par un Conseil d'Administration composé de 13 membres, avec 6 représentants pour le secteur aquacole et 7 pour le secteur avicole. Les administrateurs sont élus à la majorité par l'ensemble des représentants des adhérents, indépendamment du secteur. Le mandat des administrateurs est de 3 ans. Ceux-ci élisent un bureau composé de 5 administrateurs (1 Président, 2 vice-présidents (Secteur avicole et aquacole), 1 trésorier, 1 secrétaire & trésorier-adjoint). La composition du bureau est révisable annuellement à l'issue du renouvellement partiel du Conseil d'Administration qui a lieu lors de l'AG.

Quatre postes d'administrateurs (2 pour le secteur avicole et 2 pour le secteur aquacole) étaient à pourvoir au cours de l'AG du 10 juin 2021.

La composition du nouveau Conseil d'Administration au 10 juin 2021 à l'issue des élections est donc la suivante (figure II.1) :

6 Représentants du secteur aquacole : Emmanuel Bonpunt (L'esturgeonnière), Jean-Sébastien Bruant (Ferme Marine du Douhet, puis Ferme Marine Du Soleil à partir de Juillet 2021 - Groupe Aqualande), Frédéric Cachelou (Viviers de Sarrance), Emmanuel Mazeiraud (Sources de l'Avance - Groupe Aqualande), Vincent Murgat (Pisciculture Murgat) et Jérôme Maître (Ecloserie Marine de Gravelines - Groupe Gloria Maris). (Jérôme Maître sera remplacé par Aline Bajek dans le courant de l'année 2021).

7 Représentants du secteur avicole : Magali Blanchet (Grimaud Frères Sélection - Groupe Grimaud), Florence Petitjean (Centre de Sélection de Béchanne), Maillys Faure (ISA - Groupe Hendrix Genetics), ainsi que Bernard Alletru (Gourmaud Sélection - Groupe Orvia), Denis Bourasseau (Gen'Ethic - Groupe Gibovendée), Frédéric Fagnoul (Hubbard - Groupe Aviagen), T. Burlot (Novogen - Groupe Grimaud Frères puis Groupe Aviagen depuis Janvier 2022).

Le bureau réélu lors du CA pour l'exercice 2021-2022 est le suivant :

- Président : Frédéric Cachelou (Viviers de Sarrance),
- Vice-Présidente Secteur Avicole : Magali Blanchet (Grimaud Frères).
- Vice-Président Secteur Aquacole : Vincent Murgat (Pisciculture Murgat),
- Trésorier : Jean-Sébastien Bruant (FMDS - Groupe Aqualande),
- Secrétaire & Trésorière adjointe : Florence Petitjean (Centre de Sélection de Béchanne).

Frédéric Cachelou, Viviers de Sarrance, prend ainsi la suite de Bernard Alletru (Gourmaud Sélection - Groupe Orvia) à la Présidence du SYSAAF terminant son mandat de 3 ans.





Gouvernance du SYSAAF : Composition du Conseil d'Administration... depuis l'AG du 10 juin 2021



Figure II.1 : Membres et composition du bureau du Conseil d'Administration du SYSAAF (AG 2021).

Six conseils d'administration ont été organisés en 2021 (les 3 Mars, 28 Mai, 10 Juin, 2 Juillet, 13 Octobre et 15 Décembre) et les comptes-rendus sont disponibles, après validation, sur demande, pour les adhérents.

2-2 Assemblée Générale Annuelle

L'Assemblée Générale annuelle est un moment de convivialité unique entre les adhérents des différentes filières, les salariés du SYSAAF, ainsi que plusieurs représentants de nos divers partenaires. En 2021, ce temps fort de la vie de notre structure a été organisé à Périgueux (24) le jeudi 10 juin, et était l'occasion de revenir sur les 30 ans d'activité de la section aquacole. Le mercredi 9 juin s'est déroulé chez notre adhérent MIGADO sur leurs sites de Bergerac, le centre de conservation du saumon et le barrage EDF de Tuillières à Saint-Capraise-de-Lalinde équipé d'un ascenseur à poissons.

23 adhérents étaient présents ou représentés (12 adhérents aquacoles, 10 avicoles, 2 entomocoles) à l'Assemblée Générale.

Le Procès-Verbal relatant le déroulement et l'ensemble des délibérations de l'Assemblée Générale Ordinaire est disponible sur demande.

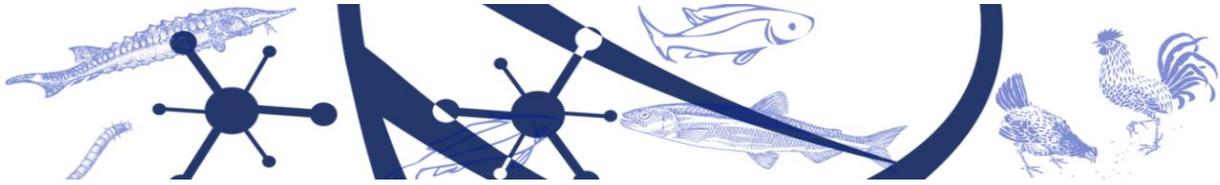


Figure II.2 : Illustrations de la visite du barrage de Tuillères et photo de groupe de l'AG.



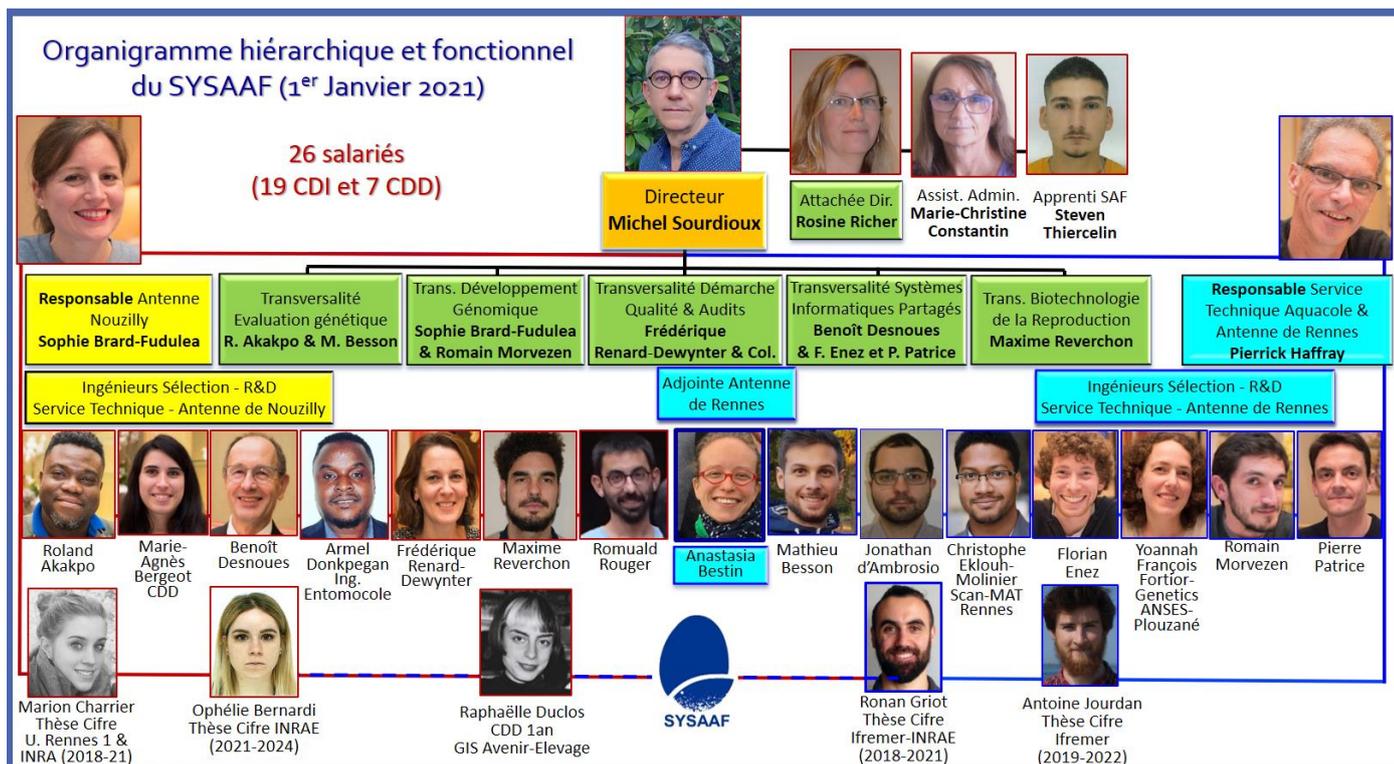
2-3 Ressources humaines

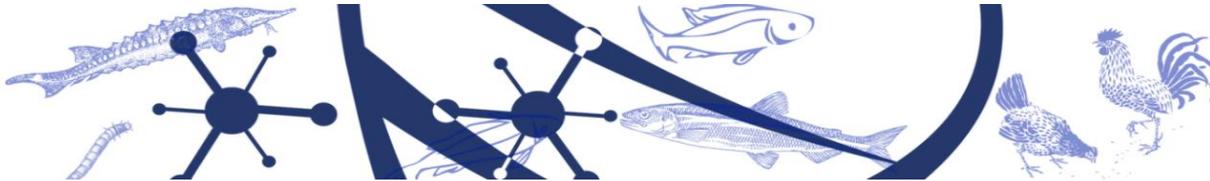
2-3-1 Des effectifs croissants et des compétences renouvelées :

Au 1^{er} janvier 2021, l'effectif du SYSAAF était de 26 salariés dont 19 CDI et 7 CDD, avec un nouveau directeur, Michel Sourdioux, suite au départ en retraite de Daniel Guéméné. (Figure II.3)

En cours d'année, l'équipe s'est étoffée de 3 ingénieurs R&D, Tarek Chalioui (statisticien, développement de travaux de Machine Learning), Faten Jaouahdou (Statisticienne, Programme Phenomix), Émilie Delpuech (bioinformaticienne, Programme GèneSea). Ronan Griot à l'issue de sa soutenance de thèse a également poursuivi en CDD (pour démarrer la mise au point de l'assignation des polyploïdes).

Figure II.3 : Organigramme hiérarchique et fonctionnel du SYSAAF (1er janvier 2021)





Les ressources humaines du SYSAAF en 2021 ont donc globalement représenté 21 ETP salariés CDI, qui ont, comme par le passé, été complétées par un recours à une main d'œuvre en CDD pour la réalisation de prestations pour les adhérents ou les expérimentations (plus de 7,5 ETP) et de stagiaires (0,30 ETP). Au total, ce sont près de 29 ETP qui ont travaillé en synergie et en collaboration avec de nombreux partenaires extérieurs pour accompagner au quotidien les adhérents des filières avicoles, aquacoles et entomocoles dans leurs métiers. Cela représente un investissement humain particulièrement conséquent en 2021 (figure II.4).

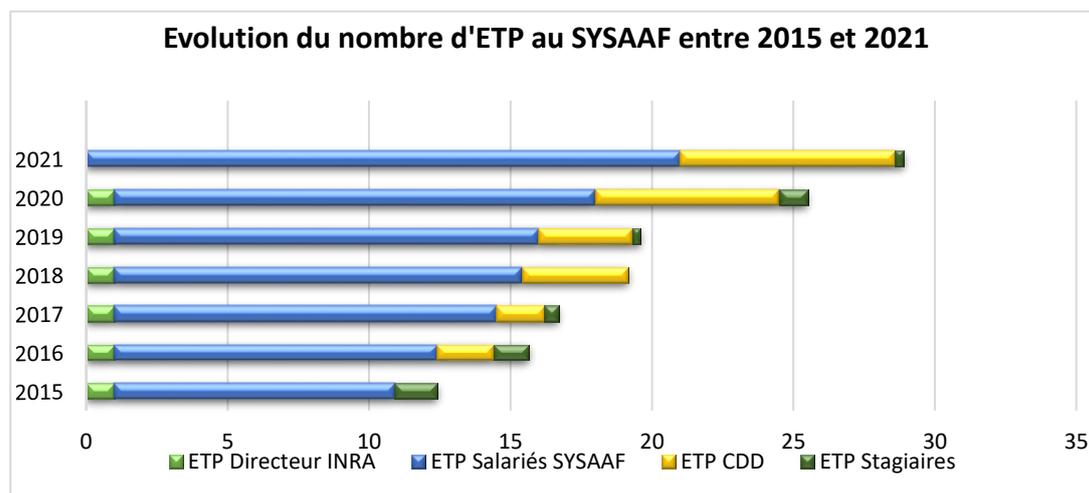


Figure II.4 : Evolution du nombre d'ETP depuis 2021

Le renouvellement du personnel consécutif au recrutement de nouveaux salariés depuis 2015, personnel ayant des parcours divers, a contribué positivement à élargir les compétences disponibles au SYSAAF. Cet élargissement s'est poursuivi en 2021, avec l'embauche en CDI Mme Marie-Agnès Bergeot en tant qu'ingénieur R&D sélection avicole et de M. Jonathan d'Ambrosio en tant qu'ingénieur chef de projets sélection aquacole.

2-3-2 Une organisation fonctionnelle en deux sites principaux, en services et transversalités

Les salariés du SYSAAF sont majoritairement localisés sur deux sites. Le site historique de Nouzilly (siège social), au Centre INRAE Val-de-Loire au sein de l'Unité Mixte de Recherches Biologie des Oiseaux et Aviculture (UMR-BOA) accueille les services techniques avicole et entomocole ainsi que la direction et des services supports (13 personnes au 1er janvier 2021). Le 2nd site, au 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, accueille principalement le service technique aquacole.

Le large spectre des compétences techniques et scientifiques disponibles au sein du SYSAAF permet de répondre aux nouveaux enjeux et besoins. Afin de maximiser au mieux la mobilisation de ses compétences et de mutualiser leur utilisation entre les filières, une structuration en transversalité et en service-plateforme est également organisée au sein du SYSAAF.

Les transversalités et plateformes actuelles sont les suivantes :

- Développement Génomique (TDG) : Animateurs Sophie Brard-Fudulea et Romain Morvezon,
- Evaluation Génétique (TEG) : Animateurs Roland Akakpo et Mathieu Besson,
- Systèmes Informatiques Partagés (TIF) : Animateurs Benoît Desnoues, Florian Enez (Koala, serveurs) et Pierre Patrice (InfAqua),
- Démarche Qualité (TDQ) : Animatrice Frédérique Renard-Dewynter & plusieurs référents thématiques spécifiques.
- Biotechnologie de la reproduction : Responsable Maxime Reverchon
- Plateforme Fortior : Responsable Yoannah François
- Plateforme SpecGen : Responsable Christophe Eklouh-Molinier

2-3-3 Une démarche qualité



L'ensemble des actions du SYSAAF vise à s'inscrire dans une démarche qualité de plus en plus fine. Les principales tâches de la démarche qualité au SYSAAF concernent le suivi des temps de missions, le suivi et l'approbation des procédures utilisées dans les différents services, et un travail sur les outils de communication et internes.

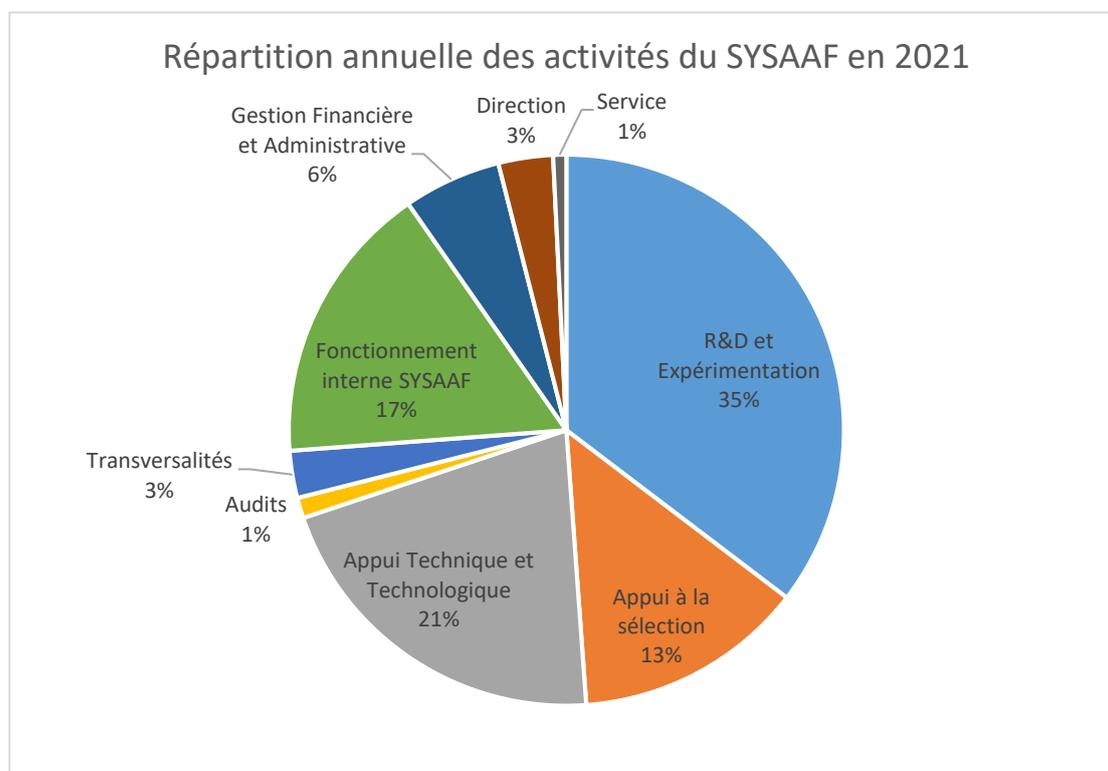


Figure II.5 : Répartition annuelle par activité du SYSAAF en 2021 (29 ETP).

L'Outil de Gestion du Temps (OGT), fonctionnel depuis 2015, permet de calculer automatiquement les temps de travail exprimés en heure et en pourcentage de chaque agent pour chaque activité, par jour, semaine ou mois, avec des récapitulatifs mensuels et/ou annuels. Les versions successives de cet outil ont beaucoup évolué. Les temps mensuels de l'ensemble des agents sont compilés pour quantifier la répartition des activités du SYSAAF, par processus : R&D et Expérimentation, Appui à la sélection, Appui technique et technologique, Qualité et audits, Informatique, Gestion Administrative et financière, ou encore Direction (Figure II.5). 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).

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

En complément à la GED, un outil de partage « SharePoint » a progressivement été mis en fonctionnement en 2021. Il permet en particulier un travail en commun sur divers dossiers temporaires ou permanents et améliore ainsi le lien fonctionnel entre les services.



Enfin, la mise à jour et l'actualisation du site internet *sysaaf.fr* sont régulièrement faites (Figure II.6).

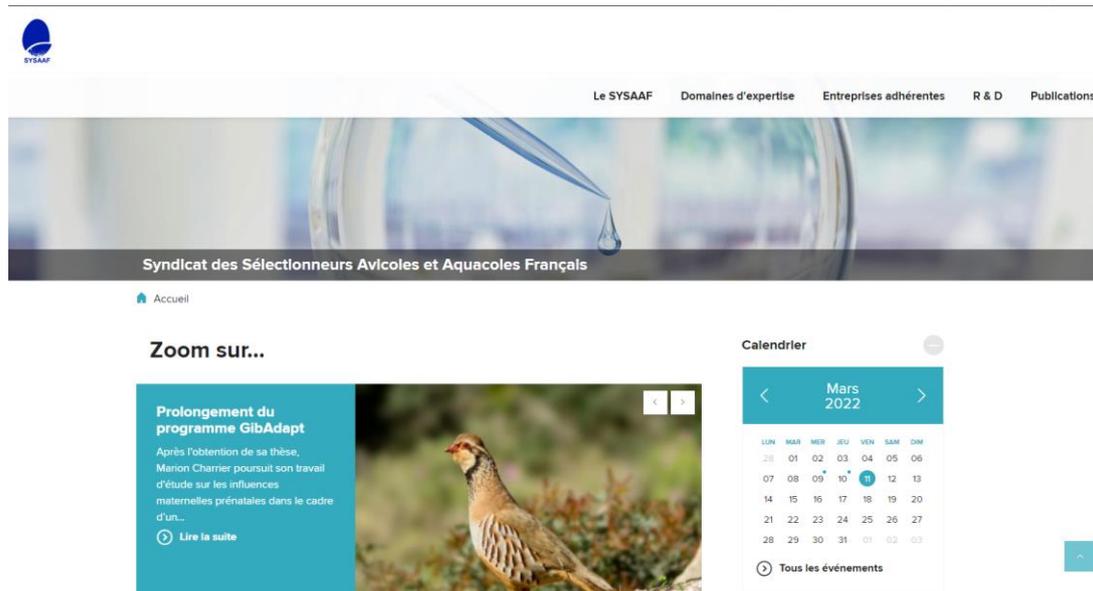


Figure II.6 : Illustration de la page d'accueil du site internet du SYSAAF (www.sysaaf.fr)

2-3-4 La formation professionnelle, la sécurité au travail et le dialogue social

« Formation »

En dehors des 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 pour maintenir pleinement les compétences opérationnelles sur des aspects biotechniques, génétiques, statistiques ou encore informatiques. Ces formations sont accessibles auprès d'organismes, ou bien dans le cadre de congrès et journées professionnelles ou techniques ou des programmes expérimentaux. D'autres ne peuvent être assurées qu'en interne par d'autres agents du SYSAAF, principalement dans le cadre des transversalités.

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.

« Sécurité »

En termes de sécurité au travail et de prévention des risques le Document Unique d'Evaluation des Risques, DUER, est mis à jour au moins une fois par an, et accessible à chaque salarié, et présenté à chaque nouvel arrivant. Romain Morvezen et Frédérique Renard-Dewynter sont titulaires du brevet SST (Sauveteur Secouriste du Travail), et sont également Assistants de Prévention des risques professionnels chacun sur leur site de travail respectif et en lien avec les Centres d'accueil INRAE.

« Dialogue social »

Le dialogue social est facilité par la tenue régulière des Journées Inter Sites SYSAAF (JISS) qui regroupent alternativement à Nouzilly ou à Rennes l'ensemble des salariés permanents et par le travail au sein du CSE. Ainsi, deux dossiers ont été initiés et traités en 2021 dans un dialogue constructif avec le CSE et l'ensemble des salariés :

- 1- Une démarche pour un changement de mutuelle d'entreprise qui a abouti à un changement au 1^{er} janvier 2022.
- 2- La discussion sur l'établissement d'une charte sur le télétravail au SYSAAF. Cette charte a été validée au 1^{er} octobre 2021.



2-4 Ressources financières

2-4-1 Budget et comptes annuels 2021

Le budget 2021 du Syndicat présente un excédent de 16 310€, pour un budget global sur l'exercice d'un montant de 2 469 604€ (Figures II.7). Ce budget global est la résultante d'un résultat d'exploitation négatif de -348 416€, d'un résultat financier et d'un résultat exceptionnel positif de +364 727€ incluant d'un crédit d'impôt (Crédit Impôt Recherche, CIR) déposé à l'administration fiscale de 472 408€. Ce budget est en très nette augmentation par rapport à celui de 2020 d'environ 32% (+598k€) et s'établit comme le budget le plus élevé dans l'histoire du SYSAAF.

Une nouvelle fois, ce sont les variations des produits associées aux programmes expérimentaux, qui expliquent principalement ces mouvements (39% des ressources), le CIR étant lui aussi impacté (en valeur) par cet accroissement d'activité recherche. Le CIR représente cependant en pourcentage seulement 19% des ressources financières globales (contre 23% en 2020), mais permet de compenser le déficit du résultat d'exploitation.

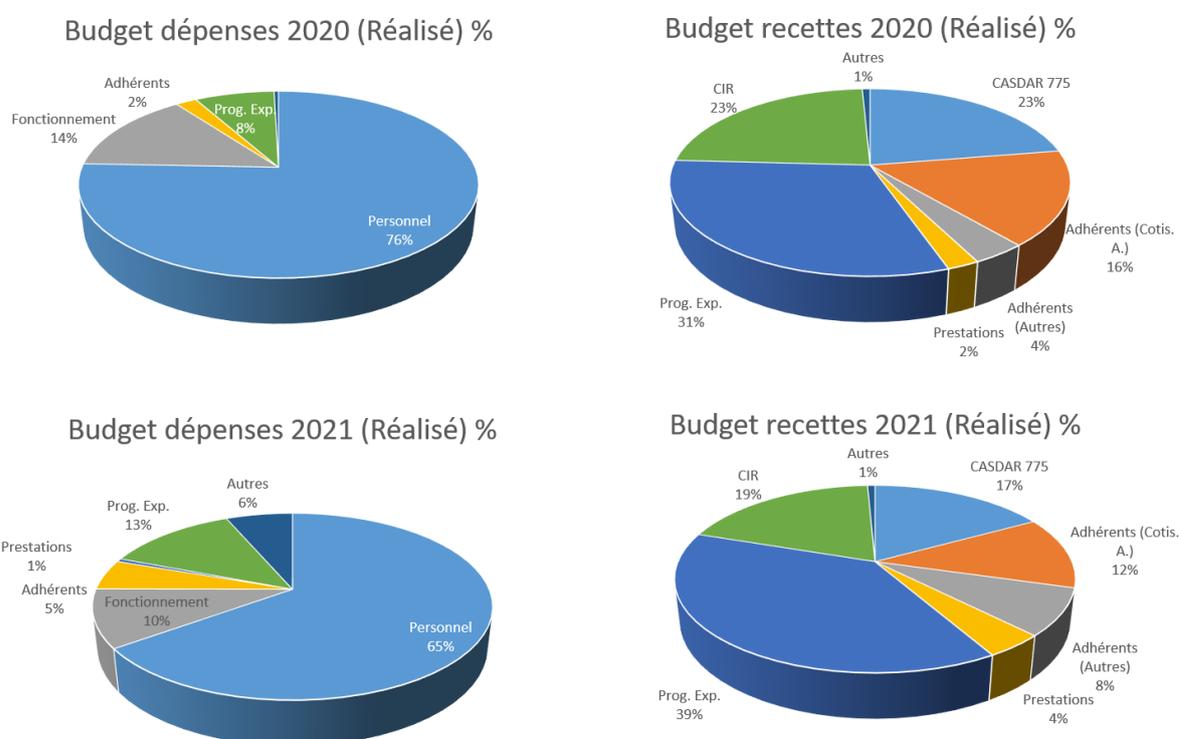


Figure II.7 : Répartition des charges et produits des budgets 2020 et 2021 du SYSAAF.

Le soutien dans le cadre de l'enveloppe "CASDAR Programme 775" a été de 419 786€ comme en 2020. Pour mémoire, ce soutien est stable à ce niveau depuis 2018. Il était de seulement 350 000€ en 2014, 300 000€ en 2010 (Figure II.8).

Ce soutien représente seulement 17% (proportion en baisse par rapport à 2020) du budget global du SYSAAF en 2021. En 2021, les diverses facturations aux adhérents (adhésions et frais d'expérimentation-sélection), représentent 20% du budget, pourcentage stable par rapport à 2020 ; les prestations hors adhérents et produits "autres" représentant moins de 5%.

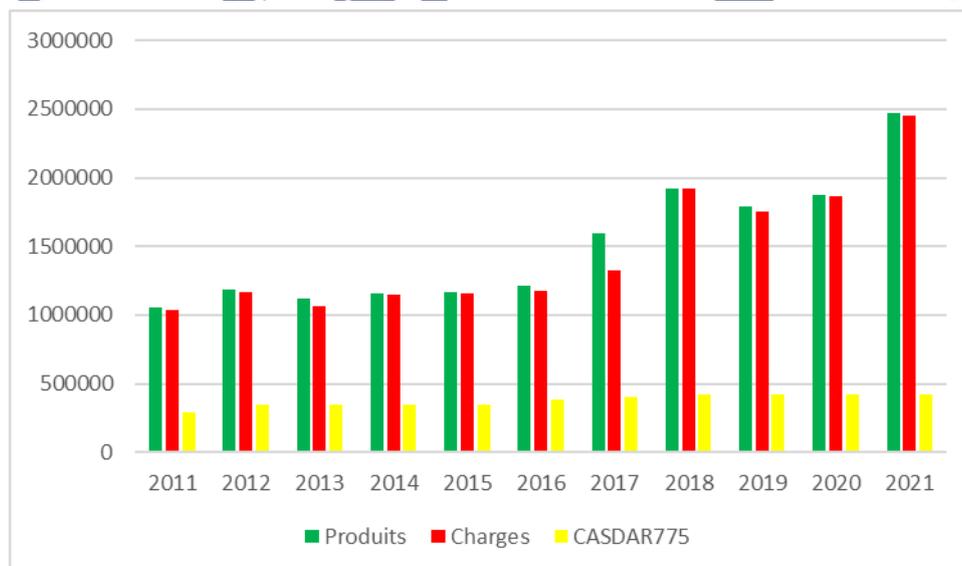
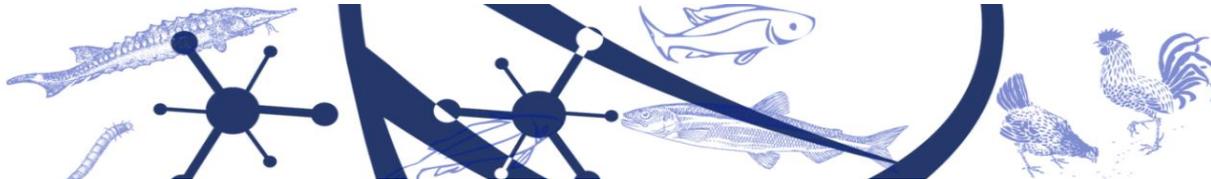


Figure II.8 : Evolution des budgets annuels du SYSAAF depuis 2011 et du soutien financier perçu annuellement dans le cadre de l’enveloppe Génétique Animale (Programme CASDAR 775).

Concernant les charges, les frais de personnel représentent 65% du montant total des charges. Avec l’augmentation des charges liées au programme de recherche, ce pourcentage est revenu dans une proportion plus habituelle que la situation de 2020 (76%). La masse salariale est à nouveau en augmentation (+6% par rapport à 2020). Elle résulte de l’augmentation du nombre de salariés, cette augmentation étant directement reliée à l’accroissement du nombre de programmes de recherche dans lesquels est impliqué le SYSAAF. Les dépenses résultant des programmes expérimentaux sont en forte hausse (+110%), conformément à la hausse d’activité R&D. Enfin, les dépenses de fonctionnement de base du SYSAAF restent relativement stable en valeur, en diminution en pourcentage.

Les activités sous-jacentes des agents du service administratif pour l’établissement des comptes ici résumés ont atteint leur plus haut niveau. Ainsi le nombre de lignes d’écritures comptables enregistrées a nettement augmenté en 2021 avec 5129 lignes contre à 3 971 en 2020 (et 4 526 en 2019). Là encore ce surcroît d’activité (+29%) est à relier avec la forte activité R&D de l’année.

Concernant le nombre de comptes mouvementés, il est lui aussi nettement supérieur à 2020 avec 315 comptes contre de 285 (+10%) en 2020 (et 306 en 2019) en particulier avec l’augmentation des comptes associés au secteur entomocole. Au-delà des seules activités comptables, le volume global des activités des services administratifs et financiers a été particulièrement élevé, avec une activité de suivi RH et contractuelle soutenue, embauches, report de contrats, ... ainsi de nombreux avenants ont dû être élaborés ou suivis en 2021.



2-4-2 Trésorerie

La trésorerie disponible au 1^{er} Janvier 2021 est positive, s'élevant à 387 838€ vs 399 000€ au 1^{er} Janvier 2020, (Figure II.9). Le 1^{er} versement du financement du programme CAS-DAR 775 de l'année 2020, correspondant à un montant 125 936€ est intervenu en Avril, et le solde, 293 850€, en Aout.

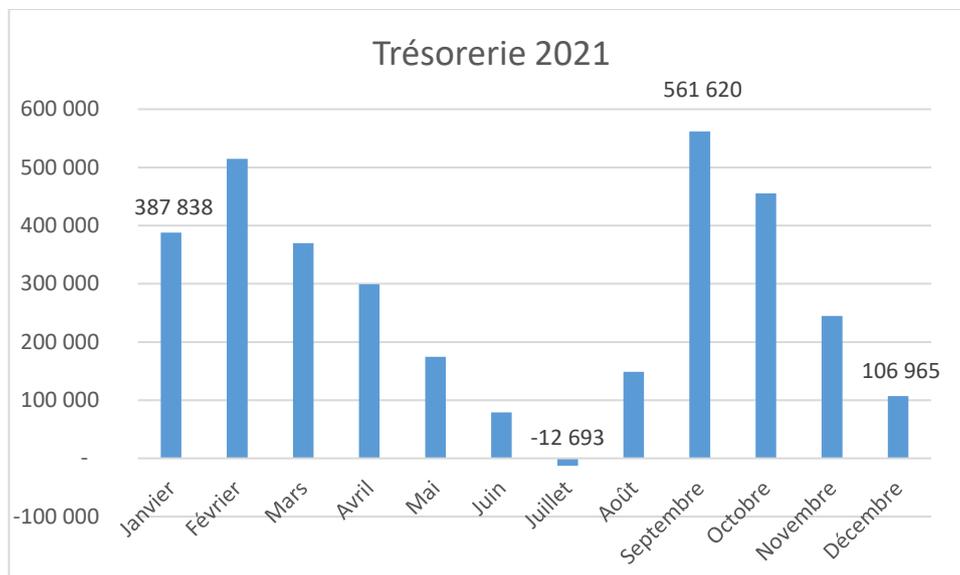


Figure II.9 : Evolution mensuelle du solde de la trésorerie en 2020

Le versement du CIR de l'exercice 2020, pour un montant de 439 387€ est intervenu en septembre permettant ainsi un retour à une trésorerie positive la fin de l'année. Un léger déficit de trésorerie en Juillet (-12 693€) n'a pu être évité compte tenu des flux irréguliers de recettes et des besoins croissants liés aux activités de recherche.

L'année 2021 aura donc été marquée par une trésorerie fragile, principalement liée au fait d'un accroissement des dépenses engagées pour les programmes de recherche FEAMP. Pour mémoire dans le cadre des FEAMP, la perception d'un premier versement du financement 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.

2-4-3 Tarifs des prestations aux adhérents en 2021

Correspondant à environ 20% des recettes en 2020, les facturations des adhérents sont constituées pour environ 80% des cotisations annuelles et des frais d'expérimentation sur lignées, dont les montants sont fixés annuellement lors de l'assemblée générale pour l'année n+1. En 2021, les tarifs ont été revus à la hausse, lors de l'Assemblée Générale du 10 juin, de 1.5%. Les fiches tarifaires pour les trois secteurs avicoles, aquacoles et entomocoles sont disponibles sur demande.

2-5 Adhérents

Les listes des adhérents du SYSAAF, 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, et des espèces qu'ils sélectionnent en 2021 est synthétisé tableau 4.

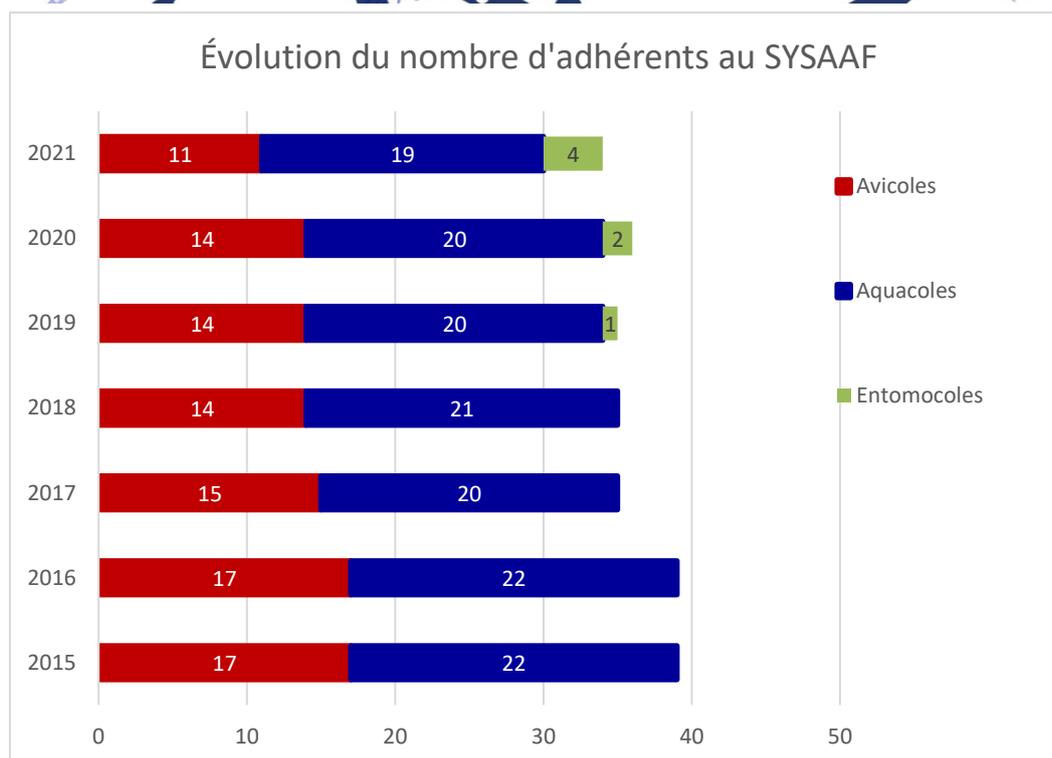


Figure II.10 : Évolution du nombre d'adhérents au SYSAAF

Le SYSAAF comptait 34 adhérents (ou assimilés) actifs à jour de leurs cotisations lors de l'AG 2021, soit 19 adhérents pour le secteur aquacole, 11 pour le secteur avicole et 4 pour le secteur entomocole (Figures II.10, Tableau II.1). Depuis une quinzaine d'année, l'intégration des entreprises de sélection au sein de grands groupes internationaux est très perceptible au sein du SYSAAF, notamment dans le secteur avicole. 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.



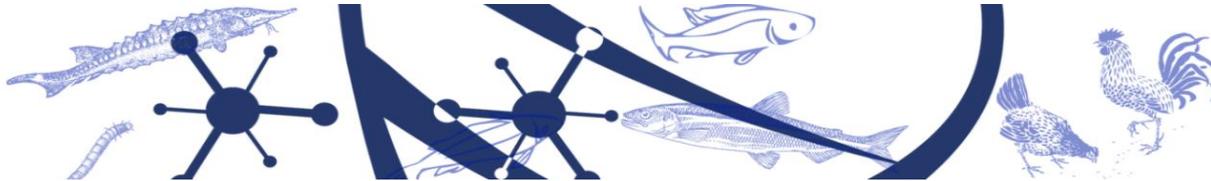
Tableau II.1 : Liste des structures adhérentes au SYSAAF et de leurs espèces d'intérêt en 2021.

| Nom de l'adhérent aquacole du SYSAAF | Espèces animales sélectionnées en aquaculture (18) |
|---|---|
|  | Truite arc en ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>), Truite fario (<i>Salmo trutta</i>), Omble chevalier ou alpin (<i>Salvelinus alpinus</i>) |
|  | Bar (<i>Dicentrarchus labrax</i>) |
|  | Esturgeon Sibérien (<i>Acipenser baerii</i>) |
|  | Daurade Royale (<i>Sparus aurata</i>), Bar (ou loup) (<i>Dicentrarchus labrax</i>), Maigre (<i>Argyrosomus regius</i>) Crevette impériale (<i>Penaeus japonicus</i>) |
|  | Turbot (<i>Scophthalmus maximus</i>) Daurade royale (<i>Sparus aurata</i>) |
|  | Truite arc-en-ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>) |
|  | Perche (<i>Perca fluviatilis</i>) |
|  | Truite arc-en-ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>) |
|  | Esturgeon Sibérien (<i>Acipenser baerii</i>) Esturgeon du Danube (<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>) |
|  | Truite arc-en-ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>) |



| | |
|---|---|
|  M I G A D O | Saumon atlantique (<i>Salmo salar</i>) |
|  Nous sélectionnons le meilleur de la nature | Huître creuse (<i>Crassostrea gigas</i>) Palourde japonaise (<i>Ruditapes philippinarum</i>) |
|  | |
|  | Huître creuse (<i>Crassostrea gigas</i>) |
|  | Crevette à pattes blanches (<i>Penaeus vannamei</i>) |
|  ARMEMENT DES MASCAREIGNES®  | Crevette tigre (<i>Penaeus monodon</i>) |
|  | Huitre perlière (<i>Pinctada margaritifera</i>) Crevette bleue (<i>Litopenaeus stylirostris</i>) |

| Nom de l'adhérent avicole du SYSAAF | Espèces animales sélectionnées en aviculture (9) |
|---|---|
|  | Caille, (<i>Coturnix japonica</i>) |
|  | |
|  | Poulet de Bresse & Races locales (<i>Gallus</i>) |
|  | Faisan (<i>Phasianus colchicus</i>) Perdrix rouge (<i>Alectoris rufa</i>) |
|  | Canards Pékin (<i>Anas platyrhynchos</i>) Canard Barbarie (<i>Cairina moschata</i>) Canard mulard |



| | |
|---|--|
|  | <p>Oies (<i>Anser anser domesticus</i>) Pintades (<i>Numida meleagris</i>)</p> |
|  | <p>Dinde Fermière (<i>Meleagris gallopavo</i>)</p> |
|  | <p>Poulet de chair (<i>Gallus</i>) à croissance lente</p> |
|  | <p>Poule pondeuse (<i>Gallus</i>)</p> |
|  | |
|  | <p>Poulet de chair (<i>Gallus</i>) à croissance lente</p> |



| Nom de l'adhérent entomocole du SYSAAF | Espèces animales sélectionnées en entomoculture (2) |
|---|---|
|  | |
|  | |
|  | |
|  | Ténébrion (<i>Tenebrio molitor</i>) |



Figure II.11 : Localisation (siège social) des entreprises avicoles adhérentes au SYSAAF en 2021



Figure II.12 : Localisation (siège social) des entreprises aquacoles adhérentes au SYSAAF en 2021

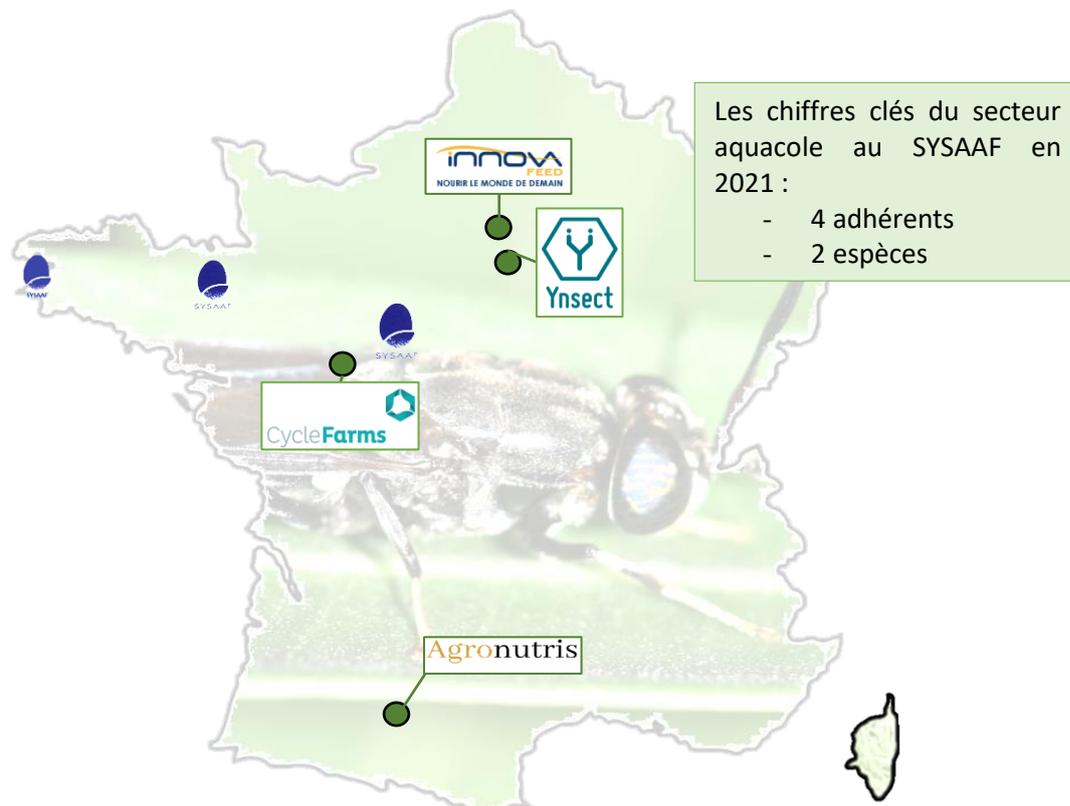


Figure II.13 : Localisation (siège social) des entreprises entomocoles adhérentes au SYSAAF en 2021

2-6 Statistiques de gestion des espèces et des races et lignées

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. Cette délégation concerne une liste positive de 49 espèces (tableau I.2). En 2021, ce sont des populations de 18 espèces, sur celles faisant l'objet de schéma de sélection pedigree, qui ont fait l'objet d'activités de traitements de données au SYSAAF (9 espèces avicoles, 8 aquacoles et 1 espèce entomocole).

Le nombre de lignées pures ou populations par adhérent est de 1 ou 2 pour les espèces aquacoles et de 1 à 42 pour les espèces avicoles. Globalement, 117 lignées ou populations (89 lignées avicoles [dont 20 de races locales] & 28 populations aquacoles) ont fait l'objet d'un suivi en 2021, dont 97 (89 lignées avicoles & 8 populations aquacoles) ont fait l'objet de traitement de données pour une sélection généalogique avec connaissance des pedigrees, permettant d'utiliser une méthode BLUP. La gestion des lignées en sélection généalogique consiste à faire des tris successifs sur une ou plusieurs cohortes, le calcul des paramètres génétiques, indexation des candidats, le choix des reproducteurs de la génération N+1 permettant de gérer le niveau d'apparentement moyen des candidats et le choix des plans d'accouplements en tenant compte de l'apparentement permettant de gérer la consanguinité des descendants. Les données des individus de chaque lignée font donc l'objet de 1 à 4 sessions de traitements à chaque génération, avec en moyenne 3 sessions par an pour les lignées avicoles. La fréquence est fonction de l'intervalle de génération des espèces et du mode de conduite des programmes de sélection, c'est-à-dire du nombre de cohortes ou lots constituant une lignée.

- **Espèces aquacoles : 16 espèces aquacoles** présentes chez nos adhérents font l'objet de protocole de sélection, auxquelles il faut en adjoindre plusieurs autres dans le cadre d'une prestation spécifique externe. Dans ce contexte, le SYSAAF gère **28 populations aquacoles pour ses adhérents, dont 11 en sélection généalogique avec utilisation du BLUP et 4 en massale intrafamiliale assistée par assignation de parenté**. **10 lignées de 5 espèces aquacoles** présentes chez nos adhérents ont fait l'objet de traitements BLUP ou GBLUP (Sélection génomique) en 2021. Les animaux des espèces aquacoles sont



normalement utilisés en lignée pure pour la production des produits commerciaux. Globalement, ce sont 375 109 nouvelles données phénotypiques issues de 44 106 nouveaux individus sur 675 060 au total, qui ont fait l'objet d'enregistrement dans la base de données aquacole SYSAAF en 2021.

- **Espèces avicoles : Des données de 9 espèces avicoles** appartenant à 11 adhérents différents ont fait l'objet d'au moins un traitement en 2021. Cela représente 89 lignées ou populations en sélection généalogique soit 257 sessions de traitement dont 23 sessions en génomique. Ce nombre d'espèces ne prend pas en considération les spécificités des finalités correspondant aux produits commerciaux. Ainsi, les produits terminaux qui résultent majoritairement de croisement 3 ou 4 voies, peuvent être soit l'œuf de consommation, soit la chair pour les espèces *Gallus* et caille qui ont de ce fait des objectifs de sélection opposés. Concernant les canards, les produits terminaux peuvent être soit la chair pour les deux espèces ou le foie gras et le magret pour le canard mulard qui est un hybride entre ces deux espèces ; c.à.d. un mâle de l'espèce canard de barbarie et une cane commune. Dans ce contexte de diversité et spécificité, ces différentes espèces se déclinent en un nombre important de lignées compris entre 1 et 42 par espèce au SYSAAF, avec une moyenne de 9,8. L'espèce *Gallus* représente environ 43% des lignées traitées au SYSAAF. Globalement, ce sont 249 245 nouveaux individus, correspondant à 10 531 128 relevés enregistrés dans la base de données avicole SYSAAF en 2021.

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

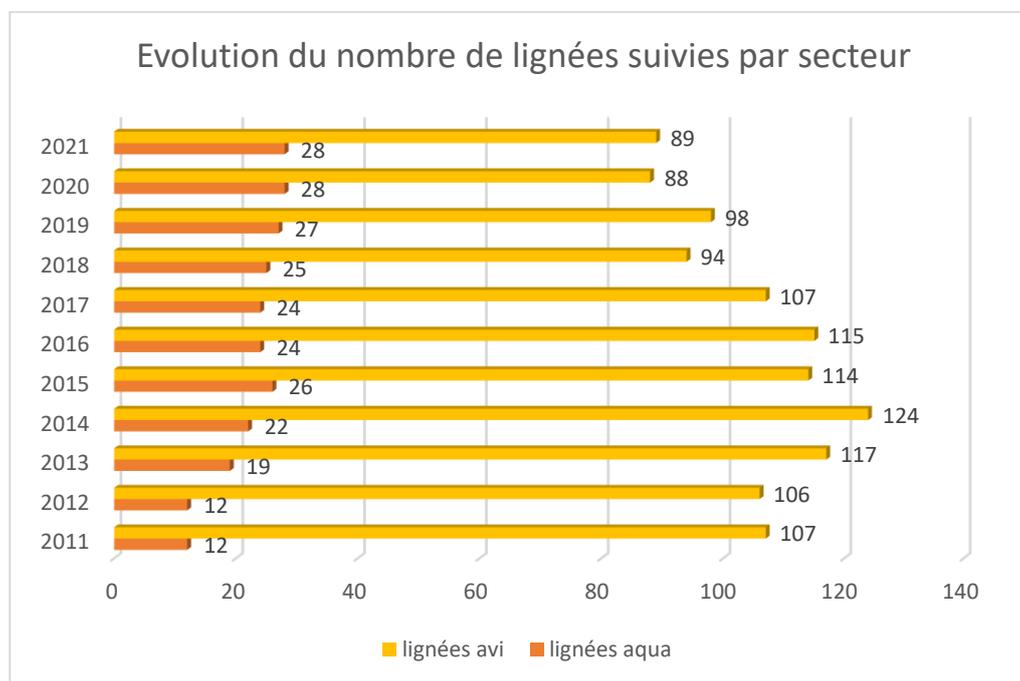


Figure II.14 : Évolution du nombre de lignées aquacoles et avicoles suivies annuellement par le SYSAAF

- **Espèce entomocole** : Les premiers travaux de sélection et de suivi génétique de lignées de mouches soldat noires se poursuivent chez les 4 adhérents en 2021 sous des formes plus ou moins expérimentales. Tous ces travaux visent en partie à valider différentes preuves de concepts en fonction de diverses options choisies avec chaque adhérent.



III - Missions et Activités de R&D du SYSAAF

Les missions et activités du SYSAAF relèvent majoritairement de la Recherche et du Développement et c'est dans ce contexte qu'il est acteur de la mise en œuvre de la politique nationale de gestion des ressources génétiques dans le cadre du "Programme pluriannuel du Progrès Génétique Animal CASDAR 2014-2020" du programme 775 (prolongé en 2021), 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.

« Partenariats académiques et encadrement de thèses »

La qualité de l'expertise du SYSAAF repose sur les compétences de ses ingénieurs qui sont mises à jour dans un processus continu de formation et de renouvellement des connaissances, en réalisant une veille bibliographique et en participant à des congrès scientifiques nationaux et internationaux, mais en premier lieu au travers de collaborations fortes avec les acteurs de la recherche dans le cadre de co-constructions et de participations à des programmes de recherche. Concrètement, les scientifiques du SYSAAF, au nombre de 20 fin 2021, auxquels il faut adjoindre 3 doctorants bénéficiant de financements CIFRE, ont été impliqués dans environ 35 de programmes de recherche pluriannuels, 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 depuis le 1^{er} janvier 2021, l'UMR PRC du Centre INRAE Val-de-Loire est laboratoire d'accueil d'Ophélie Bernardi, doctorante CIFRE recrutée par le SYSAAF dans le cadre du programme ChemPredict. Nos collaborations avec les chercheurs de l'Ifremer et de l'ANSES s'inscrivent également dans des cadres contractuels de partenariat. Dans ce contexte, deux autres doctorants recrutés en 2018 (Ronan Griot) et 2019 (Antoine Jourdan) par le SYSAAF, bénéficiant également de financements CIFRE, ont réalisé 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. Ronan Griot a présenté sa thèse le 30 mars 2021, puis a été recruté, pour 6 mois, par le SYSAAF dans le cadre du projet HypoTemp financé par le FEAMP "Innovant" afin d'adapter le logiciel d'assignation de parenté développé au cours de sa thèse à des animaux polyploïdes, en particulier la truite arc-en-ciel et l'esturgeon.

Enfin, nos interactions avec d'autres équipes de chercheurs du CNRS, 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, Marion Charrier bénéficiant également d'un financement CIFRE, dans le cadre du programme GibAdapt, a réalisé sa thèse au sein de l'Unité de Recherche Ethologie animale et humaine (EthoS) du CNRS, hébergée au sein de l'Université de Rennes 1. Sa soutenance a eu lieu le 29 octobre 2021 à l'École Nationale Supérieure de Chimie de Rennes.

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 6 en 2021.





« Réseaux de plateformes et de laboratoires »

Au-delà des interactions avec les chercheurs des organismes de recherche, l'opérationnalité du SYSAAF dans les processus de recherche et 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 INRAE 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 pour la cryopréservation avec ses sites de stockage de Saint-Aubin-du-Cormier (espèces aquacoles) et de Nouzilly (espèces avicoles), les dispositifs d'expérimentation en milieux confinés de la Plateforme Fortior-Genetics au sein de l'Unité ANSES de Pathologie Virale des Poissons sur le site de Plouzané pour les challenges pathologiques piscicoles et pour laquelle une ingénieure SYSAAF est mise à disposition de l'ANSES, la plateforme de spectrométrie SpecGen au sein de l'unité CNRS SIR-ScanMat sur l'Université de Rennes-1 où là encore un ingénieur SYSAAF a été mis à disposition pour prendre en charge des besoins expérimentaux. 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, 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.

« Interactions professionnelles »

Nos interactions sont également nombreuses avec les structures professionnelles et interprofessionnelles aquacoles et avicoles comme le CIPA, l'ANVOL, le CIP, le CIFOG, le CNPO, l'InterProchasse, le SNA, le Synalaf, le SNPGC ou encore le SENC. Au niveau Européen, le SYSAAF est membre de l'EFFAB (Européen Forum for Farm Animal Breeding), organisation européenne regroupant des entreprises concernées par la biotechnologie de la reproduction et la sélection d'espèces animales domestiques. Le SYSAAF via l'EFFAB, 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.

« Structuration des activités R&D au SYSAAF en 2021 »

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 bio-informatique, intelligence artificielle etc...).

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

- 1- La préservation du patrimoine génétique (T1) et de sa diversité,
- 2- Le développement et l'optimisation d'outils et méthodes de sélection avec pour 1^{er} enjeu une augmentation du potentiel de production permettant à nos partenaires de répondre aux besoins de compétitivité économique des filières, tout en anticipant les implications des politiques publiques et prenant en compte les enjeux de l'agroécologie et de la demande sociétale (T2).



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

- 1- Caractériser, gérer, sécuriser *in situ* ou *ex situ*, *in vivo* ou *ex vivo* la diversité génétique de populations commerciales ou locales et expérimentales, d'espèces avicoles et aquacoles (T1),
- 2- Sélectionner les populations avicoles et aquacoles [commerciales, expérimentales, races locales, espèces en cours de domestication] sur des caractères d'intérêt spécifiques, prenant en compte des enjeux multiples (économiques, qualité des produits, environnementaux, sanitaires, bien-être animal, éthique, autres...) (T1 & T2),
- 3- Mettre au point des outils et de nouvelles méthodes de phénotypage haut-débit pour quantifier les caractères d'intérêt actuels et nouveaux, pour les espèces des filières avicoles et aquacoles (T2),
- 4- Développer des ressources génomiques et des outils de génotypage et les mettre en œuvre chez les espèces des filières avicoles et aquacoles (T1 & T2),
- 5- Optimiser l'efficacité des schémas de sélection en faisant évoluer les outils et méthodes informatiques de saisie, stockage et traitement des données, ainsi que de choix des candidats et des plans d'accouplement (T1 & T2).
- 6- Objectif support : Développement ou identification et mise à disposition de plateaux techniques spécialisés ou plateformes internalisés et/ou externalisés.

En raison du nombre d'espèces et de la spécificité des objectifs de sélection, les activités de recherche-développement conduites par le SYSAAF en 2021 sont plus que jamais diverses puisque leur réalisation s'inscrit dans environ 35 programmes qui sont présentés dans le présent document selon 3 axes (Axes 1, 2A et 2B, et 3) correspondant aux objectifs opérationnels de la liste ci-dessus. En raison de leur nombre, il nous est difficile d'en faire une présentation exhaustive, mais des compléments peuvent être accessibles sur le site internet du SYSAAF, ou les sites internet dédiés de certains programmes. Ces programmes de recherche peuvent selon les cas être réalisés en conditions contrôlées dans les unités expérimentales des organismes de recherche ou en conditions de production commerciale chez nos adhérents dans le cadre de collaborations, ou encore en interne au sein du SYSAAF. Les programmes de recherche peuvent être réalisés sur fonds propres (SYSAAF et/ou adhérents partenaires) et/ou bénéficier de financements publics. Ceux-ci sont identifiés dans le texte par leur acronyme et un descriptif synthétique est rapportée dans le document : Les programmes de R&D au SYSAAF en 2021.



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, 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 III.1.1 : 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 2021, un total de 117 lignées (89 avicoles [Dont 20 de races locales], 28 aquacoles ce sont 13 entreprises avicoles et 20 aquacoles sont répertoriés pour ce service (voir chapitre 2.6). La périodicité à laquelle les traitements de données pour une lignée donnée sont réalisés dépend du cycle biologique de l'espèce et du rythme de sélection mis en place par le sélectionneur concerné.

Dans le secteur avicole, l'intervalle de génération est de 6 mois pour la caille, à 24 mois pour l'oie, le rythme de renouvellement étant le plus souvent annuel. Il est très variable pour les espèces aquacoles, généralement compris entre 2 à 7 ans, mais seulement de 9 à 18 mois chez les crevettes.

En 2021, ce sont 257 sessions qui ont été réalisées pour le secteur avicole, dont environ 10% de sessions de traitement génomique.

Dans le secteur aquacole, 10 lignées de 5 espèces ont reçu un traitement de type BLUP ou le GBLUP. 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. En 2021, de nouveaux outils de restitution des résultats ont été élaborés pour rendre ces bilans plus complets et plus informatifs.

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

L'appui à la gestion génétique des races locales gérées par les entreprises adhérentes du SYSAAF se poursuit. De même que pour les lignées commerciales dites « classiques », le SYSAAF produit des propositions de sélection et des plans d'accouplements permettant de répondre au mieux aux objectifs de sélection de ces races patrimoniales. En plus d'un maintien de ces races dans un schéma de sélection classique (*i.e.* centralisé avec recours à la cage pour l'enregistrement des performances de ponte et du pedigree), les travaux récents du SYSAAF ont démontré la faisabilité d'une gestion génétique *in natura* des populations de races locales de *Gallus gallus*. Ces travaux ont débouché sur le développement d'un panel de marqueurs moléculaires généraliste permettant d'une part de décrire la diversité génétique d'une population d'intérêt et d'autre part d'enregistrer le pedigree des animaux



composant cette même population. De plus, une adaptation se basant sur les données moléculaires de l'algorithme de recuit-simulé utilisé par le SYSAAF pour la gestion de la diversité génétique a été spécifiquement développé pour ces populations. La preuve de concept développée chez la poule Noire de Challans a vocation à être déployée chez d'autres races locales. Une première version d'un guide formalisant les modalités de la collaboration entre le SYSAAF et un gestionnaire quelconque de races locales a été produit à ce titre.

Des contacts ont été établis avec de nombreux acteurs impliqués dans la gestion génétique des races locales de volailles (Conservatoires régionaux de ressources génétiques, Association d'éleveurs amateurs, Fédération Française des Volailles...). Ces échanges ont souligné l'importance de formaliser une structure dont la mission serait de coordonner les schémas de gestion génétique de ces races. Les premières réunions de travail entre le SYSAAF et la Fédération Française des Volaille ont permis de produire un premier document, une première proposition, formalisant les rôles des structures pouvant avoir un rôle dans ces schémas de gestion (SYSAAF, FFV, ITAVI, Centre de sélection de Béchanne, Conservatoires, Association). Une démarche de validation de cette proposition, en dialogue avec l'ensemble des acteurs sera donc poursuivie en 2022.

Le SYSAAF intervient également avec ses partenaires sur la question du mode de financement de ces schémas. Le SYSAAF a participé avec les conservatoires régionaux de ressources génétiques à la rédaction d'une notice à destination des Conseil régionaux qui auront pour rôles de délivrer la future mesure de PRM (Prime aux races menacées) prévue dans le PSN (Plan Stratégique national) de la France au regard de la nouvelle programmation PAC 2023-2027 (Politique Agricole Commune). Le SYSAAF prévoit d'accompagner les structures collectives partenaires dans la rédaction du dossier d'obtention de la PRM.

3-1-3 Caractérisation de lignées double-fin

Parallèlement aux aspects de sélection et de conservation de lignées, le problème de l'élimination des poussins mâle d'un jour chez les pondeuses est devenu un problème éthique prioritaire au niveau national, mais également Européen. Une solution pour éviter de les tuer serait d'élever ces poussins mâles, mais ceux-ci ne répondent pas actuellement aux attentes du consommateur car peu charnus. 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. Mais une autre alternative consisterait en croisant des génotypes existants chez les sélectionneurs, à réaliser des croisements dit à double-fin, c'est-à-dire des croisements donnant des poussins femelles pouvant être utilisés pour la production d'œufs et les mâles pour la production de viande (poulets de chair). Le SYSAAF en tant que partenaire du programme PPILOW, coordonne cette tâche pour, en collaboration avec les entreprises de sélection adhérentes, produire et tester différents compromis entre ponte et production de viande pouvant être acceptables pour les éleveurs et répondre aux attentes des consommateurs et citoyens. Ainsi, des lots expérimentaux constitués de plusieurs génotypes avec différents objectifs de croissance et de production d'œufs (un génotype typé « chair », un génotype « rustique », un génotype typé « ponte ») a été produit et sont actuellement encore en cours d'élevage dans trois pays différents (Danemark 2019-2020, Allemagne 2020 – Thunen Institute, France 2020-2021 INRAE Le Magneraud). (Figure III.1.2)



Figure III.1.2 : Elevage en station expérimentale de 3 géotypes double fins dans trois pays différents (Allemagne, Danemark, France)

Suite à ces essais en station expérimentale, et après réunions avec les acteurs de la filière (sélectionneur, accoureur, éleveur, abattoir), il s'est avéré que le géotype « type pondeuse » serait le plus viable économiquement pour la filière. En effet, la perte de production en œuf n'est pas ou peu compensé par la production en viande des mâles. Ainsi, ce géotype a été sélectionné afin de procéder à des essais en ferme chez des éleveurs pour lesquels l'éthique animal est primordiale. Ces éleveurs, deux en France, un en Allemagne et un au Danemark se sont portés volontaire pour élever les mâles et les femelles du géotype « type pondeuse » et faire remonter les données de performances et financières. Le SYSAAF a assuré en 2021, la production, le transport, la logistique entre les partenaires permettant la mise en place de ces essais terrain et il participe au suivi des expérimentations puis réalisera l'analyse globale des données multisites en 2022 ou une attention particulière sera portée sur l'analyse géotype x environnement (G x E).

3-1-4 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, ie 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.

Bien que n'étant plus gestionnaire du site secondaire de la cryobanque avicole, le SYSAAF reste un acteur majeur de la mise en œuvre des techniques de cryopréservation de semence de volaille au niveau national. Dans ce contexte, le SYSAAF va réaliser pour la première fois en France un test de décongélation et insémination de semences de coqs cryopréservées sur le terrain, c'est à dire sur le site d'élevage d'un de ces adhérents ; le Centre de Sélection de Béchanne. L'objectif de ce test est de réaliser une preuve de concept montrant qu'il est possible de décongeler et inséminer de la semence cryopréserver en ferme et d'obtenir des poussins.

Malheureusement ce test n'a pas pu être réalisé en 2021 comme initialement prévu dû aux différents épisodes de COVID 19, il a été reporté et réalisé en 2022. Cependant une partie des préparatif et discussion nécessaire à la bonne réalisation de ce test essentiel pour valider l'intérêt des cryobanque a été mené en 2021.

Concernant les espèces aquacoles, le SYSAAF coordonne la congélation de paillettes de semences d'espèces aquacoles à usage privatif et pour la Cryobanque Nationale dans le cadre du projet CRB Anim. Ces congélations ont été assurées par un prestataire (Groupe Evolution, figure III.1.3), 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.

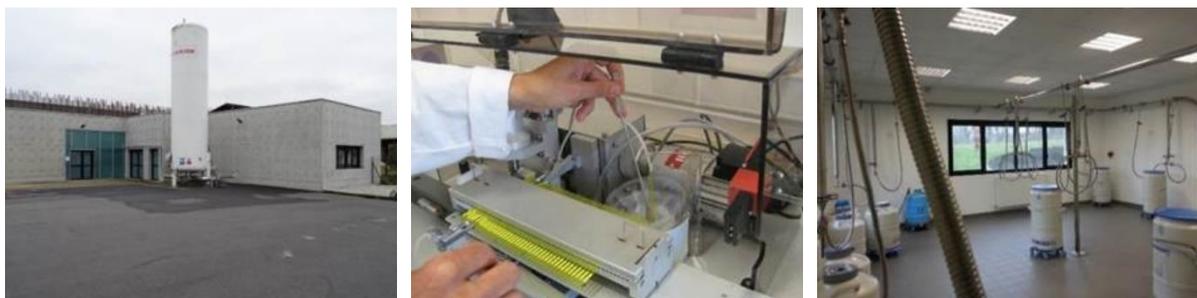


Figure III.1.3 : Cryobanque des espèces aquacoles CryoAqua hébergée par Evolution (St Aubin du Cormier, 35).

4 congélations ont été réalisées à titre privé pour des bars et des maigres pour un total de 6 308 paillettes de 118 mâles.

Dans le cadre du projet CRB Anim, 1 congélation a été réalisée en 2021 pour 22 mâles de maigre à raison de 8 à 32 paillettes par mâle ($n = 520$ paillettes) et pour une population d’huître creuse (1 100 paillettes, 22 paillettes/mâles pour 50 mâles).

En synthèse des travaux conduits dans CRB Anim depuis 2016, les semences de 863 mâles de 18 lignées en Type III « populations commerciales » de 10 espèces ont été congelées pour un effectif de 17 337 paillettes. Tous les animaux ont été prélevés en ADN et pour beaucoup d’entre eux déjà génotypés.

| | | | Nombre de lignées | Nombre de mâles | Nombre de paillettes |
|-------------------|---------------------|---------------------------|-------------------|-----------------|----------------------|
| Rainbow trout | Truite arc-enc-ciel | Oncorhynchus mykiss | 6 | 300 | 6750 |
| Pacific oyster | Huître creuse | Crassostrea gigas | 3 | 154 | 3080 |
| Brook trout | Omble de fontaine | Salvelinus fontinalis | 1 | 104 | 2080 |
| Brown trout | Truite fario | Salmo trutta | 1 | 52 | 1040 |
| Siberian sturgeon | Estrurgeon sibérien | Acipenser baeri | 2 | 50 | 1040 |
| Arctic charr | Omble arctic | Salvelinus alpinus | 1 | 50 | 1000 |
| Meagre | maigre | Argyrosomus regius | 1 | 48 | 790 |
| Russian sturgeon | Estrurgeon russe | Acipenser gueldenstaedtii | 1 | 25 | 520 |
| Sea bream | Daurade | Sparus aurata | 1 | 50 | 525 |
| Sea bass | Bar | Dicentrarchus labrax | 1 | 30 | 512 |
| Total | | | 18 | 863 | 17337 |

Figure III.1.4 : Bilan des congélations réalisées dans le projet CRBAnim pour la Cryobanque Nationale depuis octobre 2012.

Conformément à la procédure définie pour ce type de population, les semences de 25 à 50 mâles par lignée (pour le bar (< 20) et les esturgeons) ont été congelées à raison de 20 paillettes minimum par mâle déposées respectivement sur le site primaire de la Cryobanque nationale à Maisons-Alfort ($n = 10$ par mâle) et sur le site secondaire CryoAqua à St Aubin du Cormier ($n = 10$ par mâle).

2022 devrait être dédié à la congélation de ressources génétiques d’esturgeon sibérien et d’esturgeon russe.

Les filières étant pyramidales, les lignées des adhérents au SYSAAF représentent de l’ordre de 90 % des truites arc-en-ciel produites en France, 80 % des ombles et farios destinés à la consommation, 80% des daurades, 40 % des bars (il manque une lignée), 100 % des deux espèces d’esturgeon (à réaliser en 2022), 60 % du naissain d’huître d’écloseries devant représenter de l’ordre de 50 % des huitres produites (hors captage), 100 % du maigre. Ceci constitue certainement le plus gros effort réalisé à l’échelle mondiale.



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 1^{ère} du SYSAAF est de leurs apporter un appui technique qui contribuera à atteindre cet objectif. Si les caractères de production, tels la croissance, les rendements, les performances de reproduction, la consommation alimentaire, etc... figurent toujours parmi les priorités de la majorité des filières de production animale, la prise en compte de nouveaux caractères, le développement de nouvelles méthodes de phénotypages, l'estimation des gains potentiels par estimation des paramètres génétiques (héritabilité, corrélations génétiques avec d'autres caractères de production) ou encore la mise au point de méthodes de mesures individuelles et automatisables (phénotypage) constituent aujourd'hui des objectifs incontournables. Dans ce but, le SYSAAF s'implique dans de nombreux programmes de recherche visant à développer, tester et valider de nouvelles méthodes de phénotypage pour des caractères d'intérêt dont nous estimons les paramètres génétiques. Ces développements sont généralement réalisés dans le cadre de programmes d'expérimentations ciblés car ils requièrent le recours à des expertises scientifiques et/ou techniques spécifiques. En fonction des mises au point nécessaires, les méthodes de phénotypages développées se situent respectivement à différents stades précompétitifs entre leur développement ou leur validation, l'étape ultime étant le stade compétitif de transfert et mise en œuvre au sein des entreprises. Les données de phénotypage collectées peuvent ensuite indifféremment être utilisées dans des programmes de sélection génétique généalogique et/ou génomique, mais la quantification d'indicateurs pertinents pour des caractères complexes difficiles à quantifier comme la robustesse, la résilience, ou le bien-être a d'autant plus d'intérêt lors d'une utilisation en sélection génomique. Seuls les développements de méthodes de phénotypages initiés, en cours de réalisation ou validés en 2021 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. 2021 a constitué une année importante pour la mise en œuvre de méthodes de phénotypage chez les mollusques dans le cadre des projets Quality-Huitre (FEAMP) et NewTechAqua (Horizon Europe) avec la poursuite des analyses de forme des coquillages et surtout l'application de la spectrométrie NIR pour prédire la composition de la chair d'huître en lipides, protéines et glycoènes ou de l'IRM et de la RMN pour prédire le rendement en chair et/ou le sexe des animaux sans les tuer. De façon très originale, et encore jamais rapporté chez une espèce animale, 2021 a été aussi l'occasion de réaliser pour la première fois chez une espèce animale un challenge à 2 pathogènes en co-infection pour étudier chez l'huître l'interaction génétiques entre ces deux agents pathogènes. Chez les poissons les avancées ont porté sur la mise au point d'équation de calibration de la prédiction de la composition en acides gras de la chair de daurade par spectrométrie Raman et la mise en place d'un protocole pour évaluer l'intérêt de la sélection génomique pour estimer les interactions génétiques entre cage (Grèce) et bassin (Ile d'Oléron) dans le projet européen Aqualmpact (Horizon Europe). Les premières investigations sur l'utilisation du machine learning ont été initiées sur fond propre SYSAAF pour prédire le rendement en filet des candidats ou phénotyper des caractères hédoniques de beauté d'un poisson, la daurade. Ces avancées devraient permettre des estimations de paramètres génétiques pour ces caractères en 2022.



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

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

Les résultats des essais de calibrations rapportés en 2020 dans le cadre du projet Quality-Huître (FEAMP) étaient moyennement satisfaisants pour la prédiction des protéines et des lipides (R^2 de 0,69 et 0,20 respectivement). Il a été émis l'hypothèse que l'eau au sein des échantillons pouvait poser un problème quant à la bonne performance des prédictions. Il avait été décidé d'effectuer des expérimentations supplémentaires avec lyophilisation, pour s'affranchir de l'hydratation des échantillons. Un plan de collecte d'échantillons d'huîtres 2n et 3n a été défini mi 2021 pour couvrir 4 saisons et 5 sites d'élevages différents, étang de Thou (Bouzigue), Golfe du Morbihan (Sarzeau), baie d'Arcachon, Vendée (Bouin) et Normandie (St Vaast la Hougue), représentant donc 40 lots sur 2021 et 2022 à raison de 2 niveaux de ploïdie x 4 saisons x 5 sites. Sur 2021, les échantillons de 5 sites ont été collectés sur 2 saisons (automne et hiver) avec les 2 niveaux de ploïdie. Les échantillons envoyés par les entreprises adhérentes au SYSAAF ont été préparés pour disposer de 400 g de chair par lot pour donc 20 lots. Les autres lots seront prélevés courant 2022. Les 20 premiers lots ont été conservés à -80°C avant lyophilisation prévue au 2^{ème} semestre 2022.

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

En 2019, 1 222 collatéraux d'une cohorte de 700 familles (7 factoriels complets de $10\sigma \times 10\varphi$) du programme de sélection de l'entreprise Vendée Naissain avaient été phénotypés en IRM pour estimer les paramètres génétiques du rendement en chair de façon non létale dans le cadre du projet Quality Huitre (FEAMP). Des échantillons de manteau de ces animaux avaient 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. Ce travail a été partiellement conduit par l'étudiant en thèse CIFRE comme reporté dans le chapitre génomique avec estimation des héritabilités, des corrélations génétiques entre caractères, la comparaison des précisions des méthodes de sélection familiale (PBLUP) ou génomique (GBLUP).

Les analyses génétiques incluant l'IRM sont prévues d'être réalisées sur 2022 par le SYSAAF.

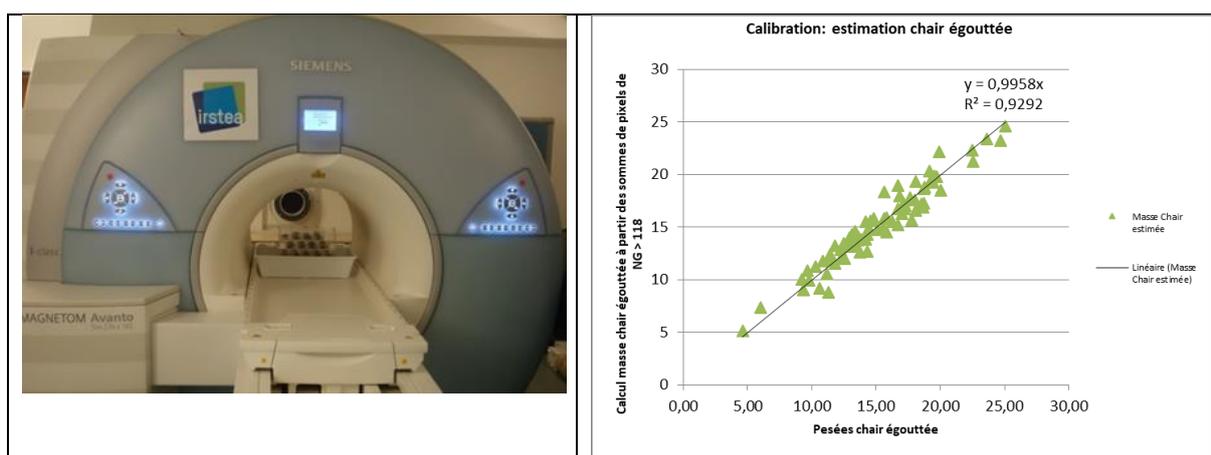


Figure III.2.1 : Appareil d'IRM utilisé à l'IRSTEA et corrélation phénotypique entre le poids de chair égoutté et sa prédiction en IRM.

Le même type de protocole a été conduit sur la population en sélection de l'entreprise de sélection de la SATMAR. Un plan de croisement factoriel avait été réalisé en février 2018 à partir de 6 factoriels de 7 à 8 mères x 10 pères ou de l'ordre de 360-400 familles (Figure III.2.2).

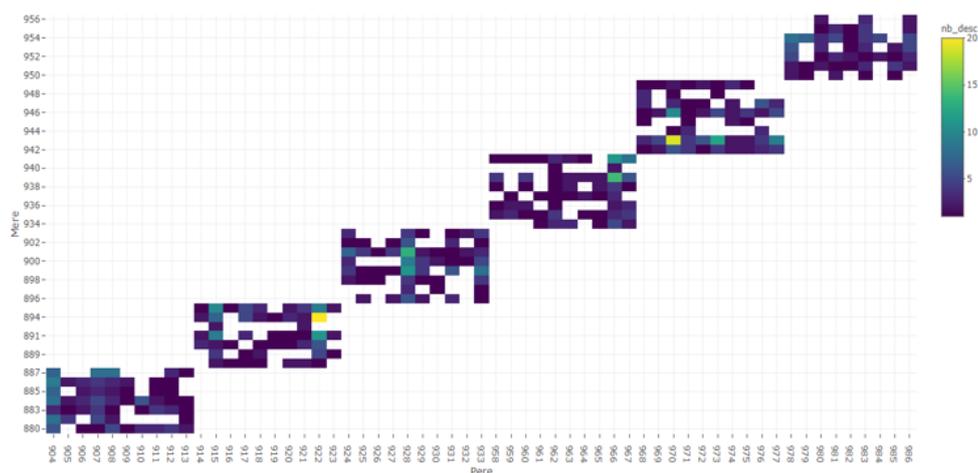


Figure III.2.2 : Plan de fécondation factoriel réalisé par la SATMAR

Les animaux ont été phénotypés par IRM pour établir leur sexe par l'INRAE (plateforme PRISME, Rennes) lors de leur maturation sexuelle durant l'été 2020. Les huîtres ont été tuées et phénotypés à divers caractères impliquent leur découpe en novembre 2020 à 33 mois d'âge. Ils ont été génotypés sur puce Axiom ThermoFisher Oyster-02 début 2021 par la plateforme Gentyane/INRAE (Clermont-Ferrand). Le taux d'assignation a été 88.1% avec 915 individus assignés sur 1032, 3 mères et 1 père n'ayant pas été prélevés par erreur. Des analyses génomiques de nombres de marqueurs par chromosomes et de déséquilibre de liaison sont rapportées dans le chapitre du compte rendu sur la génomique pour ces animaux. Les héritabilités seront estimées en 2022 par l'étudiant en thèse CIFRE pour les caractères mesurés en intégrant le sexe comme effet fixe lorsque nécessaire.

3-2-2-3 Mise au point du phénotypage du sexe de l'huître par RMN

Des essais de détermination du sexe ont été conduits sur un autre équipement RMN appelé MOUSE (Bruicker) dans le cadre du projet QualityHuître (FEAMP). Cet essai a été réalisé sur un lot de 40 huîtres dont 31 ont pu être acquises à la fois en IRM et sur la MOUSE. Il faut environ 15 mn (5 mesures de 3mn) pour acquérir le profil T1 d'une huître avec la MOUSE.

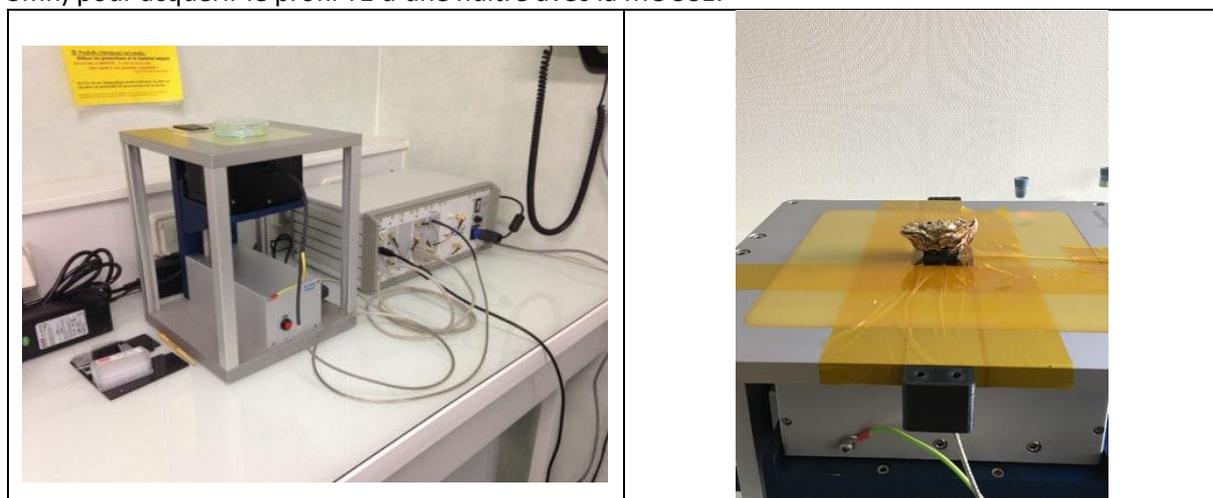


Figure III.2.3 : Dispositif de RMN Mouse (<https://www.pf-prism.org/les-equipements/equipements-rmn/>) et positionnement de l'huître sur le plateau de mesure

On mesure le T1 moyen à 5 profondeurs différentes en partant de la base de l'huître (10600, 9000, 7400, 5800 et 4200 μm). La valeur moyenne de ces 5 valeurs donne le T1 de l'huître qui distingue le sexe avec $T1 < 249 \text{ ms}$ \rightarrow femelle et $T1 > 249 \text{ ms}$ \rightarrow mâle. Sur les 31 huîtres sexées par les 2 modalités, 27 sont concordantes. Sur les 4 cas de non concordance, 3 correspondent à des soupçons de ponte notifiées en IRM. 1 seul cas constitue une erreur manifeste, qu'elle soit due à l'IRM ou à la MOUSE (ou à l'opérateur...). La température de mesure qui a une influence sur le T1 peut expliquer des différences IRM/MOUSE. Les bulles d'air et leur positionnement peuvent altérer la mesure à différentes



profondeurs. Le traitement non automatisé pour l'instant dure environ ½ journée pour 30 huîtres. L'appareillage MOUSE présente l'avantage d'être un appareil de paillasse, avec la possibilité d'amener les échantillons par tapis roulant et donc avec une automatisation ultérieure possible.

3-2-2-4 Réalisation de challenges à 2 pathogènes en co-infection

Dans le cadre du projet Européen NewTechAqua (<https://www.newtechaqua.eu/>) des challenges contrôlés à 2 pathogènes ont été conduits séparément ou en co-infection simultanée entre les deux pathogènes chez l'huître creuse, l'herpès virus ou/et *Vibrio aestuarianus* à la station Ifremer de la Tremblade (17).

25 pères et 25 mères de 2 origines sauvages (rade de Brest et Vendée) et une lignée expérimentale Ifremer ont été croisés pour produire 100 familles le 1/02/2021. Les différentes familles ont été mélangées au stade naissain avec les familles équ-représentées le 25/03/21. Une infection a été réalisée le 17/09/21 (7 mois et 16g) pour infecter des huîtres vectrices utilisées comme porteuses lors d'une seconde infection le 09/10/21.

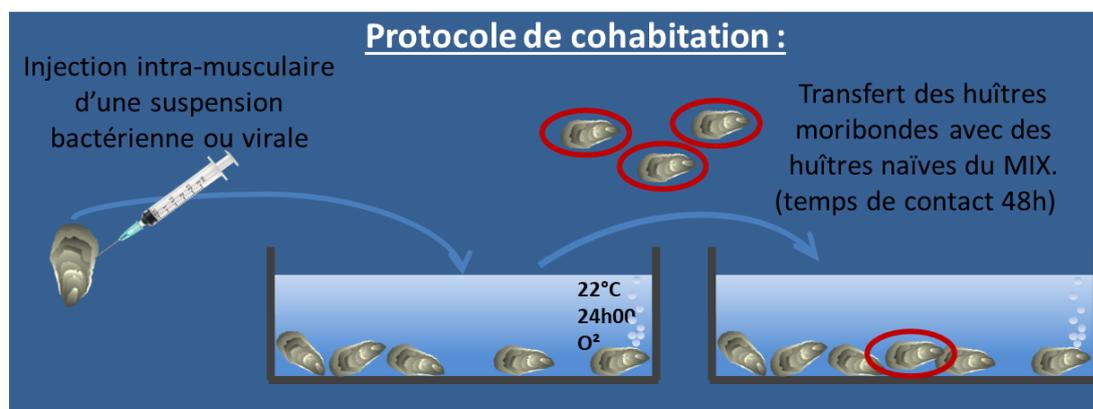


Figure III.2.4 : Protocole d'infection contrôlée par cohabitation.

2000 individus ont été challengés par traitement selon le protocole décrit ci-dessous.



Figure III.2.5 : Protocole de challenge mono-pathogène ou en cohabitation et prélèvement des échantillons pour analyses d'ADN.

La cinétique de mortalité est présentée figure III.2.6 ; sur les 3 traitements avec 45,3 %, 48,05 % et 57,1 % de mortalité respectivement pour les challenges à l'herpès virus OsHV-1, *V. aestuarianus* et en cohabitation.

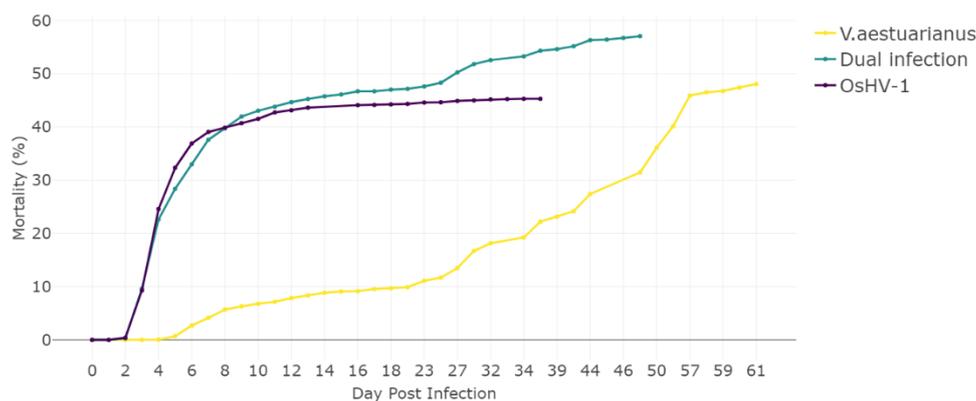


Figure III.2.1 : Cinétique de mortalité dans les 3 challenges

Les animaux ont été envoyés pour génotypage sur puce 57K en décembre 2021 au laboratoire de génotypage Gentyane/INRAE (Clermont-Ferrand). Les estimations de paramètres génétiques, l'identification de QTL et l'évaluation de l'efficacité relative d'une sélection génomique seront réalisés en 2022 par l'étudiant en thèse CIFRE.

3-2-2-5 Mise au point d'équation de prédiction de la composition en acides gras du filet de daurade par spectrométrie Raman

Dans le cadre du projet Européen AquaImpact (<https://projects.luke.fi/aquaimpact/>), le SYSAAF a réalisé des équations de calibration de la prédiction de la composition de la teneur en acides gras du filet de daurade.

3 lots de daurades, produites par l'entreprise de sélection FMDS, élevées par FMDS ou Ifremer ont été nourries avec des aliments de compositions différentes et ont été utilisées pour optimiser les équations de calibration.

| Slaughter site |  |  |  |
|---|---|--|---|
| Dates | 18-20/11/2019 | 18-19/12/2019 | 12-15/01/2021 |
| Feeds | SPAROS | INRAE | Aqualia |
| Number of fishes for GC and Raman experiments | 56 | 100 | 100 |

Figure III.2.2 : Caractéristiques des lots de daurades utilisés pour la réalisation des équations de calibration.

Les animaux ont été découpés afin de mesurer les différents compartiments et prélever des échantillons de filet dorsal qui permettront de réaliser les analyses chimiques de référence par chromatographie en phase gazeuse (CPG) et en spectrométrie Raman (gras musculaire de parage abdominal).



Figure III.2.8 : Représentation en rouge des échantillons prélevés pour la calibration et analyse en CPG (fillet) ou par spectrométrie Raman (gras musculaire de parage ventral).

Le protocole est résumé dans le schéma suivant.

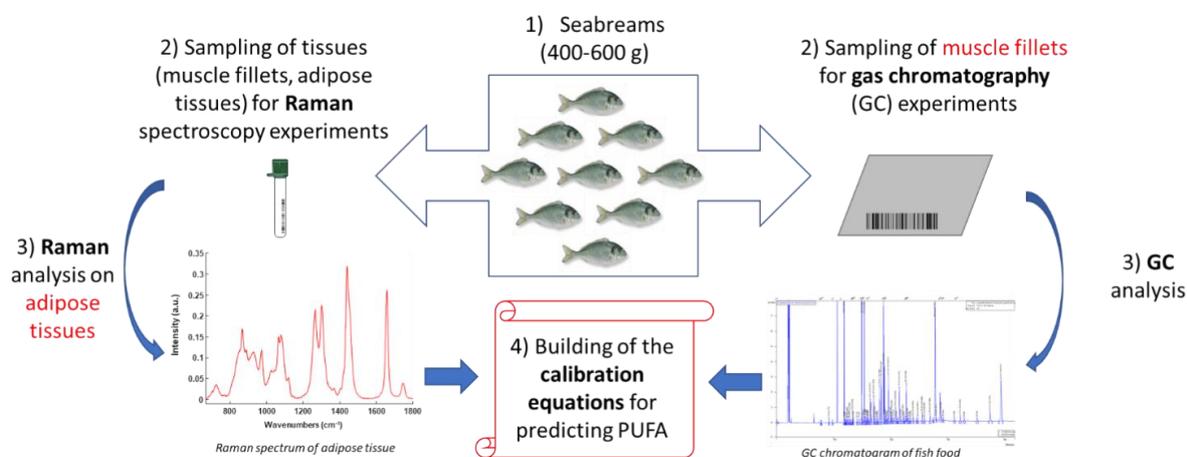
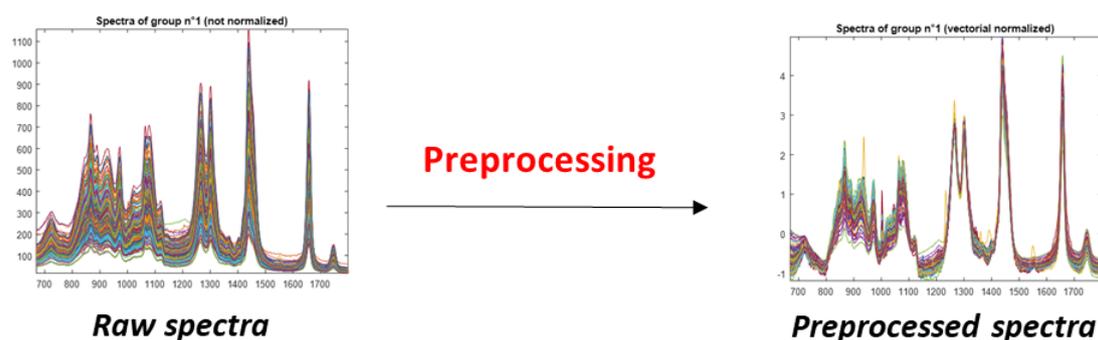


Figure III.2.3 : Protocole complet de calibration.

Les spectres Raman ont été obtenus sur un appareil Horiba sur la plateforme SIR-ScanMat CNRS de l'Université de Rennes 1. Différents traitements mathématiques des spectres ont été appliqués



(lissage...).

Figure III.2.4 : Représentation des étapes de pré-traitement des spectres Raman

Différents modes de régression ont été tentés (PLS, ridge) ce qui a conduit à retenir le modèle de régression ridge comme plus adapté.

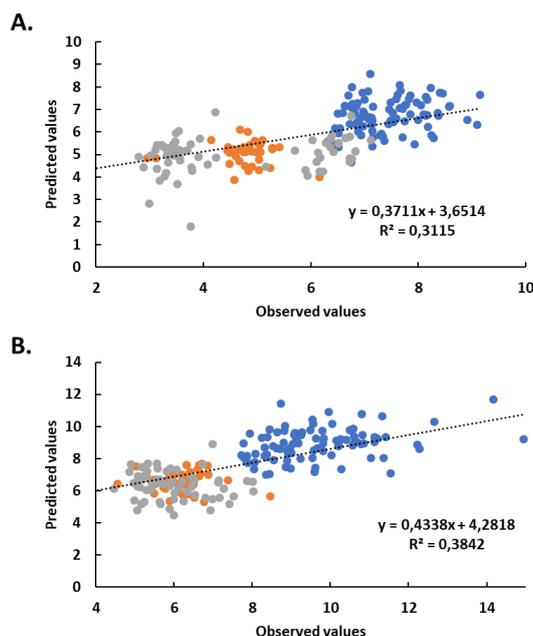


Figure III.2.5 : Exemples de régression pour l'EPA (A.) ou le DHA (B.).

| | | | PLS | | Ridge | |
|-----------------------|-----------------|---------------|----------------|-------|----------------|-------|
| | | | R ² | RMSEP | R ² | RMSEP |
| FA classes | | SFA | 0.433 | 1.685 | 0.483 | 1.610 |
| | | MUFA | 0.092 | 3.832 | 0.166 | 3.667 |
| | | PUFA | 0.107 | 3.183 | 0.234 | 2.948 |
| | | Omega 3 | 0.234 | 3.517 | 0.284 | 3.396 |
| | | Omega 6 | 0.387 | 2.344 | 0.414 | 2.292 |
| | | Omega6/Omega3 | 0.001 | 1.445 | 0.003 | 1.365 |
| Individual FAs | SFA | C16:0 | 0.302 | 1.374 | 0.433 | 1.238 |
| | | C18:0 | 0.371 | 0.575 | 0.448 | 0.539 |
| | MUFA | C18:1 | 0.075 | 4.552 | 0.133 | 4.374 |
| | | C22:1 | 0.146 | 0.394 | 0.183 | 0.384 |
| | PUFA Omega3 | C18:3 | 0.392 | 0.693 | 0.493 | 0.631 |
| | | C20:5 | 0.227 | 1.625 | 0.311 | 1.515 |
| | | C22:5 | 0.115 | 0.476 | 0.127 | 0.468 |
| | | C22:6 | 0.337 | 1.853 | 0.384 | 1.783 |
| | PUFA Omega 6 | C18:2 | 0.380 | 2.408 | 0.406 | 2.357 |
| | | C18:3 | 0.302 | 0.066 | 0.394 | 0.062 |
| | | C20:2 | 0.162 | 0.110 | 0.188 | 0.108 |
| | | C20:3 | 0.003 | 0.063 | 0.004 | 0.061 |
| | | C20:4 | 0.251 | 0.148 | 0.323 | 0.139 |

Figure III.2.6 : Coefficient de corrélation (R²) et précision (RMSEP) des équations de calibration pour les différents acides gras.

Les coefficients de régression sont compris entre 0 et 0,48 en fonction des acides gras. Ces valeurs sont inférieures à celles obtenues sur le gras de truite. Ce résultat amène à conclure que l'estimation de la composition en acides gras du filet sera moyennement prédictible par spectrométrie Raman. Ceci s'explique certainement par le fait que la composition du filet repose sur la composition des adipocytes (tissus sur lequel a été positionné le faisceau laser du Raman), des myoseptes (tissus de soutien) mais



aussi sur celles des autres types cellulaires comme les cellules musculaires. Ces équations de prédiction seront utilisées en 2022 pour estimer les paramètres génétiques de la composition en acides gras du filet sur un lot de poissons dérivé du programme de sélection phénotypé et prélevé en 2020 de l'écloserie de FMDS (voir lot élevé en bassin dans le paragraphe suivant).

3-2-2-6 - Évaluation de l'interaction GxE cage-bassin chez la daurade

Les daurades sont essentiellement élevées en cages. Cependant la sélection est réalisée par l'entreprise FMDS en maintenant les candidats en circuit recyclé à terre afin de sécuriser l'amont de la filière et diffuser des animaux indemnes des principales pathologies rencontrées en mer. Jusqu'à présent l'indexation génétique en BLUP des candidats élevés à terre sur les valeurs génétiques familiales moyennes (EBV) élevées en mer s'avère 50 % moins efficace qu'une sélection des candidats directement élevés en cage. L'arrivée de la génomique pourrait permettre de sélectionner des candidats élevés à terre sur leur ressemblance au génome avec les meilleurs individus des meilleures familles élevées en mer. Dans le cadre du projet Européen AqualImpact (<https://projects.luke.fi/aquaimpact/>), le SYSAAF a accompagné l'entreprise FMDS dans la production de poissons expérimentaux et leur phénotypage dans les deux environnements d'élevage avec l'objectif d'évaluer l'intérêt d'une évaluation génomique (GEBV) par rapport à une indexation familiale (PBLUP). Un lot de collatéraux a été dérivé du programme de sélection et envoyé en élevage en Grèce en cage alors qu'un autre lot avait été conservé sur Oléron à terre. En décembre 2020, les individus élevés en bassin (n=781) ont été phénotypés aux caractères de production, de découpe et de teneur en lipides de la chair.

En 2021, leurs collatéraux élevés en cage (n=843) ont été phénotypés en Grèce au poids moyen de 560g. Chacun des individus a été génotypé en 2021 par le laboratoire Gentyane/INRAE (Clermont-Ferrand) avec la puce de génotypage Thermofisher SaurChip 60K SNPs. Les estimations de paramètres génétiques et la corrélation génétique en bassin et cage seront estimés en 2022.

3-2-2-7 Utilisation du machine learning pour prédire le rendement au filetage de la truite

La possibilité de prédire le rendement au filetage qui nécessite en théorie sa mesure non létale sur des apparentés pourrait permettre une sélection des candidats sur ce caractère plus précise. Des résultats de travaux précédents (projets Quality-Truite1 et 2, FEP) avait permis d'établir la possibilité de prédire ce rendement chez la truite de grande taille par ultrason ($R^2 = 0,50$) ou par des mesures beaucoup plus complexes combinant des informations de surfaces, de longueurs d'épaisseurs ou de profondeurs ultrasoniques ($R^2 = 0,5$ à $0,8$). Le machine learning ouvre des pistes pour simplifier la réalisation de mesures longues et complexes. Il peut aussi permettre des approches statistiques selon d'autres modèles que des modèles linéaires. En 2021, le SYSAAF a tenté d'utiliser le machine learning et le deep learning pour mettre au point une méthode de prédiction du rendement au filetage plus simple et automatisable.

Les jeux de photo 2D, de données ultrasonores et de rendements de découpes collectées dans le projet européen Horizon Europe FishBoost. Elles provenaient de l'entreprise de sélection Bretagne Truite et portaient sur respectivement 1695 et 1799 truites de 2 générations successives. Les poissons ont été phénotypés (croissance, rendement en carcasse ou en filets, échographie, mesures 3D) et photographiés.

Trois modèles de prédiction ont été développés avec 80 % des données comme modèle d'entraînement et 20 % comme données test pour la validation du modèle entraîné. Les 3 modèles étaient les suivant : M1 utilisant des données ultrasonores de poids et de longueur, M2 les photos 2D (machine learning) et M3 combinant ultrasons, mesures 3D et photos 2D (machine learning). Le modèle d'entraînement a été affiné par optimisation des hyper paramètres et sélection des variables puis finalisation par validation croisée entre les deux modèles. Les données de performances ont été modélisées par machine learning et l'utilisation des photos 2D par deep learning en combinant des approches de réseaux neuronaux, d'apprentissage par transfert, d'augmentation de données par Randomcontrast et d'interprétabilité des données.

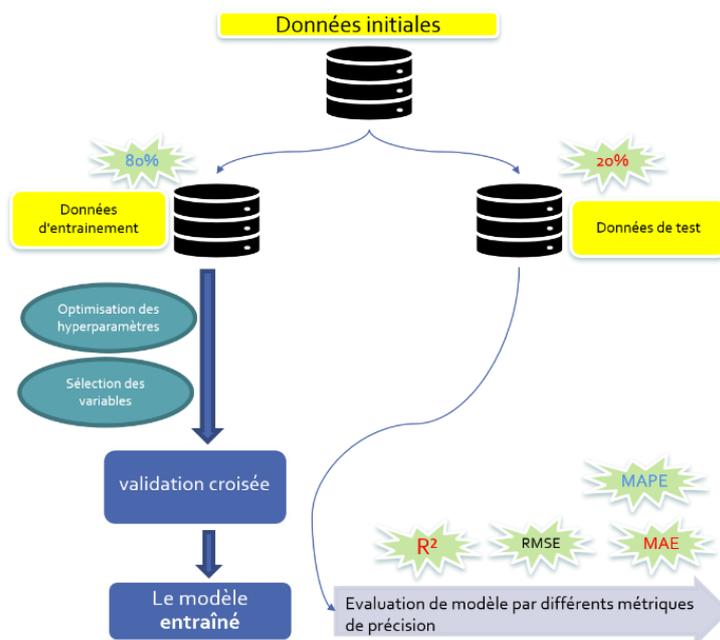


Figure III.2.13 : Etapes de développement des modèles par validation croisée.

Le poids a été prédit avec un coefficient de corrélation très élevé ($R^2 = 0,98$). Le modèle M1 utilisant des données d'échographie et de poids et de longueurs a permis une prédiction intermédiaire ($R^2 = 0,30$). Un modèle intermédiaire utilisant uniquement des photos présente une prédiction limitée ($R^2 = 0,26$) qui est améliorée avec l'utilisation des données d'échographies et de poids ($R^2 = 0,40$). Le modèle M3 intégrant toutes les informations selon 3 matrices de coordonnées (45 colonnes), de distances (105 colonnes) et de volumes (1345 colonnes) améliore la prédiction de façon spectaculaire ($R^2 = 0,46$).

Les héritabilités des prédictions et leurs corrélations génétiques avec le rendement en filets ont été estimées pour quantifier les gains attendus de la sélection assistée par les différents modèles. Les héritabilités sont de 0,26, 0,40, 0,22 et 0,30 pour le rendement de filetage, M1, M2 et M3, respectivement. Les corrélations génétiques entre le rendement prévu et le rendement réel en filets sont respectivement de 0,47 (M1), 0,75 (M2) et 0,78 (M3) en combinant les 2 générations. Un effet de génération a été observé avec une corrélation génétique de 0,42 sur la 1ère génération et de 0,87 sur la 2ème pour M2 par exemple.

Cette avancée préliminaire démontre qu'une prédiction similaire mais plus rapide peut être obtenue par l'intelligence artificielle pour améliorer l'efficacité de la sélection sur le rendement en filets

3-2-2-8 - Utilisation du deep learning pour prédire la beauté hédonique de la daurade

L'aspect extérieur des poissons (forme, couleurs) constitue un des types de caractères sélectionnés. Ces caractères le sont actuellement à l'aide d'experts qui classent des candidats en sélection massale selon une appréciation générale. Outre que ce classement peut être différent par expert, il peut aussi varier dans le temps avec la fatigue, ou comporter une certaine personnalisation des aspects les plus déterminants. Les estimations d'héritabilité ce type de caractère sont généralement très limitées du fait de la complexité de ce type de caractères. En 2021, le SYSAAF a initié une démarche afin de tenter d'objectiver ces caractères hédoniques en utilisant la daurade en partenariat avec l'entreprise de sélection FMDS.



Figure 7 : Morphotypes recherchés de belle daurade selon le type « sauvage »

Une première étape à consister à définir et quantifier la variation à 12 critères simples à noter pour entraîner l'intelligence artificielle à classer les « belles » daurades selon le standard FMDS selon 8 critères binaires (0 = non conforme au référentiel FMDS ; 1 = conforme) et 4 critères qualitatifs (de 0 à 3 du moins conforme au plus conforme). Un comité de 5 d'experts (nombre impair) a été constitué à cet effet.

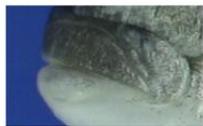
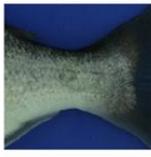
| | | |
|---|--|---|
| Alignement des lèvres (0, 1)  | Verticalité lèvre-barre (0, 1)  | Angle barre-œil (0, 1)  |
| Linéarité post craniale (0, 1)  | Point le plus haut vers l'avant (0, 1)  | Pédoncule caudal non allongé (0, 1)  |
| Ventre plat (0,1)  | Alignement ventre-mâchoire (0, 1)  | Largeur de la barre colorée (0 à 3)  |
| Couleur de la barre orange (0 à 3)  | Développement de la tache operculaire noire (0 à 3)  | Couleur de la barre tâche orange (0 à 3)  |

Figure 8 : Qualification des caractères de beauté de la daurade.

Un logiciel de notation a été développé par l'INRAE (Jérôme Bugeon) pour faire apparaître chaque photo et la noter, enregistrer la performance et passer à la photo suivante, et ce par caractère. Le comité d'experts a ensuite noté aux 12 caractères un millier de photos collectés dans différents chantiers antérieurement et pour lesquelles des performances de poids ou de production étaient disponibles. Une variabilité importante entre experts a été observée que ce soit entre experts.

| | AB | NL | SC | TC | PH | Vote |
|------|------|------|------|------|------|------|
| AB | 1 | 0,72 | 0,65 | 0,76 | 0,6 | 0,78 |
| NL | 0,72 | 1 | 0,75 | 0,75 | 0,75 | 0,88 |
| SC | 0,66 | 0,75 | 1 | 0,73 | 0,73 | 0,84 |
| TC | 0,76 | 0,75 | 0,73 | 1 | 0,68 | 0,85 |
| PH | 0,6 | 0,75 | 0,73 | 0,68 | 1 | 0,79 |
| Vote | 0,78 | 0,88 | 0,84 | 0,85 | 0,79 | 1 |

Figure 9 : Corrélation des rangs des classements entre experts pour par exemple l'alignement des lèvres.

Cette différence de classement entre experts conduit par exemple à des fréquences différentes des classes de notes entre experts.

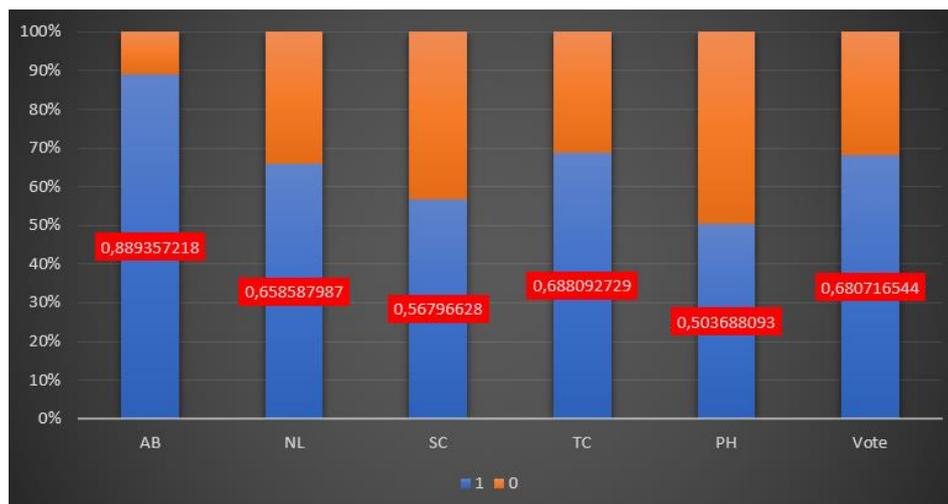


Figure III.2.10 : Variabilité des notes 0 ou 1 pour l'alignement des lèvres entre les experts

La métrique définie pour les experts a alors été de prendre en considération la note la plus nombreuse, ou dite majoritaire.

L'approche initiale a été d'évaluer le classement des notes des experts par rapport à l'image du poisson entier en utilisant les réseaux de convolution neuronaux (CNN). Ensuite, une validation croisée a été utilisée comme illustré dans le chapitre précédent pour la prédiction du rendement en filets par machine learning.

Une métrique de précision, la précision ou accurance (= (TP + TN) %), a été choisie en estimant les résultats d'évaluation selon en 4 catégories en fonction du type d'erreur :

- True Positive (TP) : la prédiction et la valeur réelle sont positives. Exemple : Une personne malade et prévu malade.
- True Negative (TN) : la prédiction et la valeur réelle sont négatives. Exemple : Une personne saine et prévu saine.
- False Positive (FP) : la prédiction est positive alors que la valeur réelle est négative. Exemple : Une personne saine et prévu malade.
- False Negative (FN) : la prédiction est négative alors que la valeur réelle est négative. Exemple : Une personne malade et prévu saine.

| | | Predicted Class | | |
|--------------|----------|-------------------------------------|---|---|
| | | Positive | Negative | |
| Actual Class | Positive | True Positive (TP) | False Negative (FN) Type II Error | Sensitivity $\frac{TP}{(TP + FN)}$ |
| | Negative | False Positive (FP) Type I Error | True Negative (TN) | Specificity $\frac{TN}{(TN + FP)}$ |
| | | Precision $\frac{TP}{(TP + FP)}$ | Negative Predictive Value $\frac{TN}{(TN + FN)}$ | Accuracy $\frac{TP + TN}{(TN + FP + FP + FN)}$ |

Figure III.2.11 : Expression des résultats des classement en effectuant les sommes par catégories selon 4 catégories : TP, TN, FP et FN

Tous les caractères n'ont pas encore été modélisés fin 2021.

Pour un seul caractère, la couleur de la barre colorée, l'approche de classification avec un modèle de CNN à partir de l'image entière a été suffisante pour atteindre une précision de 80 %.

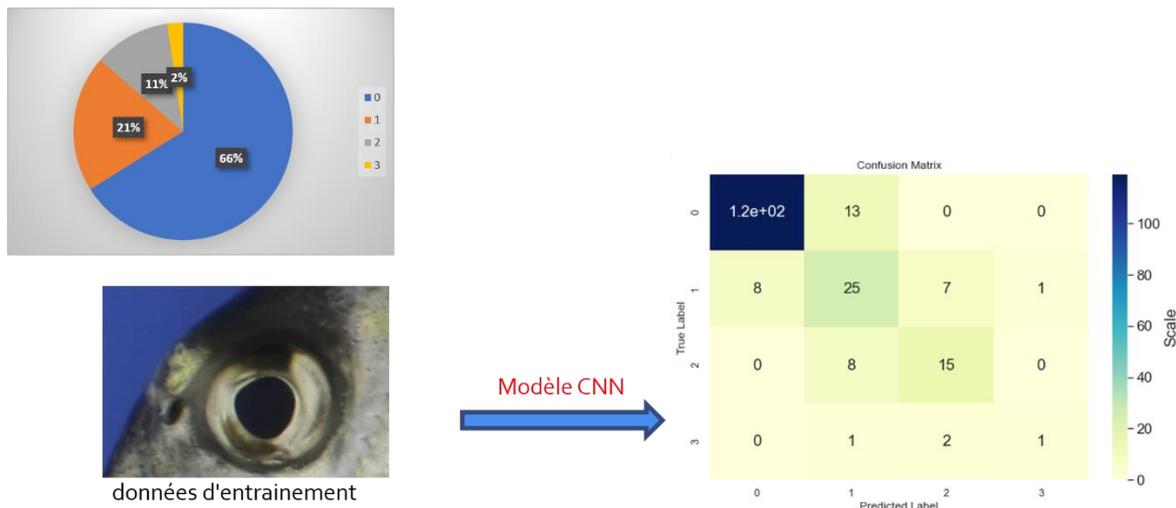


Figure III.2.19 : Modélisation de la couleur de la barre colorée par CNN.

Par contre, pour tous les autres, une autre approche a été nécessaire pour modéliser la classification des experts en réduisant la zone de modélisation sur l'image. Pour ce faire, le logiciel YOLO V5 a été utilisé. Pour chaque caractère, une zone de la photo a été automatiquement définie et les caractéristiques des pixels dans cette surface ont été modélisées par CNN pour reconnaître les classes des experts. C'est le cas pour l'alignement des lèvres dont la précision passe de 67 % à 83 %, la largeur de la barre colorée (53,3 % à 79,5 %).

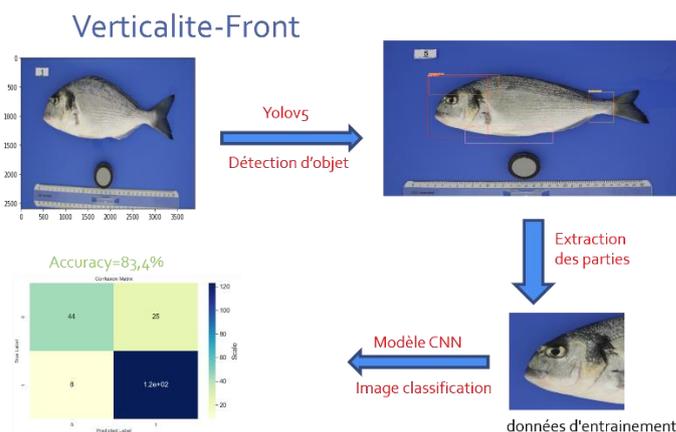


Figure III.2.20 : Modélisation de la verticalité du front nécessitant la détection d'objets avec le logiciel YOLO et la modélisation des classes des experts par CNN.

Une autre transformation a été rajoutée pour la largeur de la barre colorée en utilisant le modèle Mask RCNN. De même, la modélisation de largeur de la barre colorée a été améliorée en rajoutant une étape de data binding en regroupant des classes trop nombreuses.

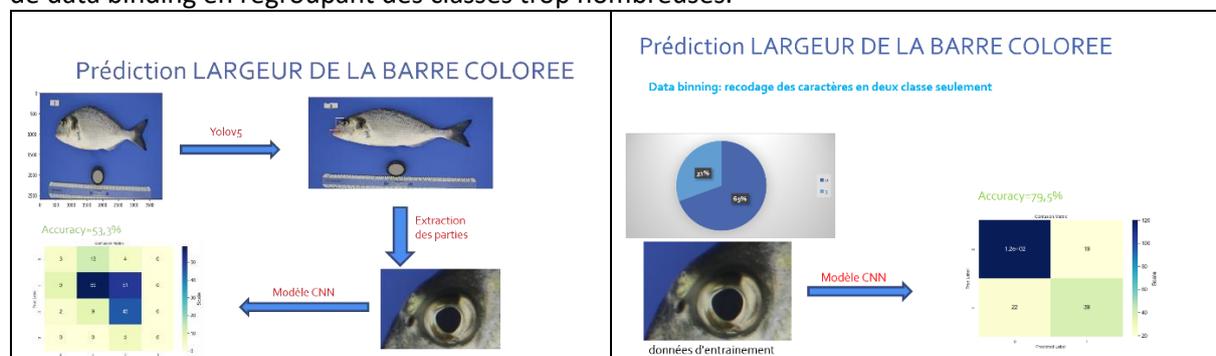


Figure III.2.21 : Ajout d'une étape de modélisation par data binning en regroupant les classes définies avec le modèle YOLO pour le caractère de largeur de barre colorée.



D'autres caractères ont nécessité la modélisation par YOLO comme la verticalité du front qui passe à 83,4 % de précision. La tache noire, le non allongement de la queue ou le casque nécessitent aussi le passage par YOLO et les analyses sont encore en cours.

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

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

Les installations de l'ANSES ont dernièrement fait l'objet de mise à niveau technique et de réaménagements, travaux cofinancés par l'union européenne, l'état et la région Bretagne dans le cadre d'un projet FEAMP (mesure 51D). Ces travaux ont permis i) d'améliorer les systèmes de traitement des eaux de rivière et de mer en entrée, ii) d'aménager une salle expérimentale supplémentaire dédiée aux activités de la plate-forme FORTIOR Genetics et iii) d'améliorer la sécurisation des aménagements (automate de gestion des alarmes, système d'oxygénation de secours).



Figure III.2.22 : Aménagements réalisés après travaux au sein de l'ANSES (Agrément national pour l'expérimentation C 29-212-3)

A des fins de sélection génétique, ces challenges sont réitérés sur plusieurs générations successives. Cependant, à chaque réitération, les challenges doivent s'adapter aux spécificités des espèces et pathogènes et nécessitent des tests de mise au point et d'optimisation. Par exemple, la pathogénicité d'une souche bactérienne peut s'altérer lors d'une conservation à long terme ou encore du fait des repiquages successifs sur les milieux de culture et ainsi rendre moins efficace une épreuve infectieuse. Par ailleurs, les pathogènes présents sur le terrain évoluent et une veille épidémiologique, rassemblant les adhérents concernés et leur vétérinaire se met en place afin de cibler les bons pathogènes et surveiller les émergences. Pour chaque challenge, les alevins provenant des noyaux de sélection des entreprises doivent être indemnes et sont contrôlés d'un point de vue virologique et bactériologique afin de vérifier l'absence de germes pathogènes et particulièrement du pathogène à tester. En amont du challenge, des pré-tests sont systématiquement entrepris sur une petite partie de la cohorte afin de préciser la quantité d'agent infectieux à inoculer par injection ou par balnéation aux sujets. En effet pour qu'un challenge soit informatif, il doit idéalement permettre d'obtenir un taux de mortalité compris entre 30 et 70% afin de pouvoir classer précisément les différentes familles testées (Chapuis *et al.* 2010). Différents paramètres peuvent limiter l'efficacité d'un challenge et induire des taux de mortalité trop faibles ou trop élevés. La virulence d'un pathogène n'est pas forcément acquise, il est parfois nécessaire de réactiver le pathogène en réalisant plusieurs cycles de multiplication. D'autre part, la taille optimale des poissons peut-être à déterminer. En effet, le système immunitaire inné peut ne pas être assez mature pour des sujets trop petits ou inversement trop mature pour des sujets âgés. En 2021 les challenges ont été conduits contre 3 pathogènes et la mise en œuvre du projet HypoTemp (projet FEAMP coordonné par l'INRAe) a suivi son cours avec la réalisation de nouveaux challenge de robustesse. Il s'agissait d'éprouver la robustesse des truites à des variations de facteurs environnementaux associés au changement climatique (hyperthermie et anoxie), en partenariat avec les entreprises de sélection Bretagne Truite et Viviers de Sarrance.

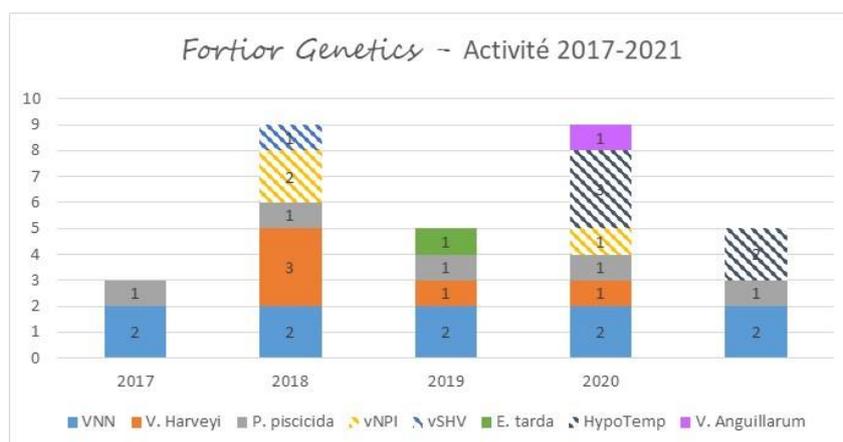


Figure III.2.23: Evolution du nombre de challenges réalisés entre 2017 et 2020 à Fortior Genetics

En 2021, le projet MedMax (financé par le FEAMP et coordonné par INRAE) a démarré faisant appel aux services de la plate-forme. Ce projet a notamment pour objectif d'étudier la réponse à la sélection pour la résistance à la nodaviruse. Des challenges infectieux seront réalisés en 2022 sur la plate-forme dans le cadre de ce projet.

La flavobactériose causée par la bactérie *Flavobacterium Psychrophilum*, est une maladie récurrente chez les salmonidés avec un fort impact sur la production de saumons et de truites. Des études de paramètres génétiques ont déjà été réalisées avec les adhérents du SYSAAF à partir d'épizooties naturelles. Cependant, la réalisation de phénotypage de la résistance à la flavobactériose en milieu contrôlé n'a pas été abordé. Le projet FlavoControl, financé par le FEAMP et monté en partenariat avec les unités VIM, GABI et l'IERP de l'INRAE, avec le SYSAAF et deux entreprises adhérentes du SYSAAF : Viviers de Sarrance et Milin Nevez, a démarré en 2021. Ce projet a pour objectifs de développer les installations de l'IERP pour l'accueil de grande cohortes venant de pisciculteurs, de réaliser une preuve de concept de phénotypage en milieu contrôlé de la résistance à la flavobactériose de populations de truites commerciales, et d'améliorer les connaissances sur les mécanismes de résistance à la flavobactériose. Ce projet, porté par l'INRAE et suivi par le SYSAAF permettra aux adhérents de travailler sur un nouveau phénotype, à savoir la résistance à la flavobactériose en milieu contrôlé.

3-2-2-10 Phénotypage de caractères de reproduction 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. Il est néanmoins nécessaire de qualifier expérimentalement la qualité des semences avant cryopréservation et sa fécondance après décongélation pour vérifier que la procédure est efficace.

Un travail de phénotypage est nécessaire concernant les analyses biologiques actuellement utilisées pour qualifier la qualité de la semence (fraîche ou congelées). Celles-ci ne sont pas totalement satisfaisantes, prédictives et/ou répétables, aussi est-il nécessaire de développer un nouveau paradigme mettant en œuvre des approches novatrices. Des travaux préliminaires montrent que de nouvelles technologies comme la spectrométrie de masse pourraient permettre d'obtenir des résultats fiables et répétables permettant de caractériser le potentiel reproducteur des mâles. Ainsi, Labas et al. (2015) ont montré que l'ICM-MS (Intact Cell Maldi-Tof Mass Spectrometry) est une méthode de protéomique qui permet de réaliser un phénotypage moléculaire des semences en accédant à leurs compositions protéiques et peptidiques. Soler-Vasco et al. (2016) ont ensuite mis en évidence le potentiel diagnostique de cette méthode en comparant les résultats d'analyses protéomiques avec ceux de tests de fertilité chez des coqs présentant des taux de fertilité très contrastés.



Dans ce contexte, le programme Fertimâle a pour objectif de confirmer le caractère diagnostique de ce test chez différentes lignées en sélection commerciale de l'espèce Gallus. Néanmoins, outre l'aspect diagnostique, l'intérêt des sélectionneurs pour une utilisation en routine chez les volailles réside surtout dans sa capacité prédictive qu'il convenait d'explorer, l'objectif étant alors d'utiliser ce test dès l'acquisition de la maturité sexuelle d'un coq pour prédire son potentiel de persistance au cours du cycle de production.

Afin de valider cette hypothèse, dans le cadre du programme Fertimâle, le SYSAAF a réalisé la collecte d'un large échantillonnage de semences de coqs de 4 populations pedigreees, 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, en inséminant 10 poules avec la semence d'un même mâle de manière à définir sa fertilité réelle.

L'ensemble des échantillons de semences a donc été analysé par spectrométrie de masse malheureusement la modélisation mathématique permettant d'évaluer et de classifier le potentiel de fertilité des animaux n'a pas été concluante car l'effectif n'est pas suffisant pour construire un modèle mathématique fiable (fig III.2.24). Toutefois une tendance de classification des coqs corrélée avec les tests de fertilité réels a été observé sur une lignée de poule pondeuse.

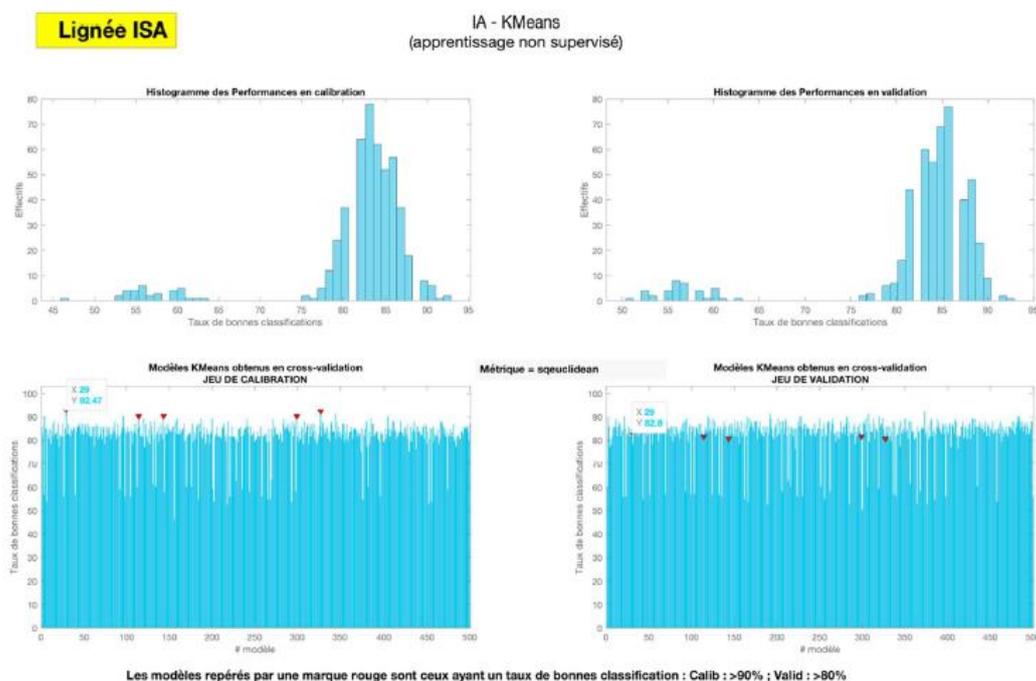


Figure III.2.24: Résultats globaux de l'approche de classification non-supervisée KMeans

Suite à ces résultats encourageant le consortium du projet a décidé de poursuivre les travaux en utilisant cette fois-ci un plus grand nombre d'animaux. Le SYSAAF a recruté un sélectionneur parmi ces adhérents pouvant répondre à l'exigence du protocole et un nouveau projet du nom de « FERTIMAX » est en cours de montage pour 2022.

Le SYSAAF conduit en collaboration avec l'équipe SENSOR de l'UMR-PRC de l'INRAE l'encadrement d'une thèse CIFRE (Ophélie Bernardi) (programme Chempredict) dont l'objectif est d'étudier le rôle physiologique spécifique d'adipokines, en particulier la chémérine, sur le développement embryonnaire. Elle étudiera par ailleurs si la concentration de chémérine dans l'albumen pourrait être corrélée avec les performances de reproduction des poules et/ou la qualité des poussins. En effet, bien que les taux de fertilité aient 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 il a été montré que l'injection d'anticorps dirigés contre la chémérine dans l'albumen d'œuf incubés induit la mort de 35% des embryons (Fig III.2.25)

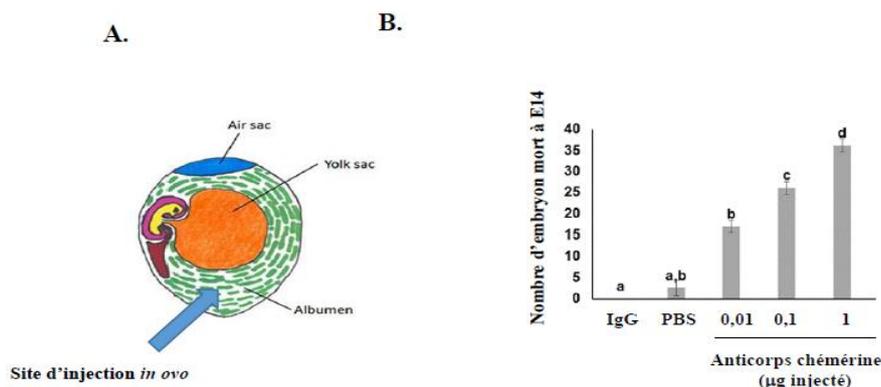


Figure III.2.25 : Effet de l'injection d'un anticorps anti-chémérine dans l'albumen d'un œuf incubé à E7

De plus, les résultats de 2020 ont montré que la chémérine est produite localement au niveau du tractus femelle, notamment au niveau du magnum qui correspond à la partie du tractus responsable de la production de l'albumen. Avec ces résultats, sachant que les différents constituants de l'œuf jouent obligatoirement un rôle durant le développement embryonnaire, une campagne d'échantillonnage a été organisée en 2021 chez 4 adhérents du SYSAAF pour explorer le rôle putatif de la chémérine dans ce processus chez les espèces *Gallus* (2 lignées chair et 2 lignées ponte) et canards de Barbarie (1 lignée pédigrée). 10 semaines d'échantillonnage ont été réalisées, à trois moments du cycle de ponte pour chaque lignée étudiée ce qui représente l'analyse et le dosage en chémérine d'environ 3000 œufs. Afin de réaliser et de faciliter le dosage de chémérine dans l'albumen, un kit ELISA spécifique de la chémérine aviaire a été mis au point (Fig. III.2.26).

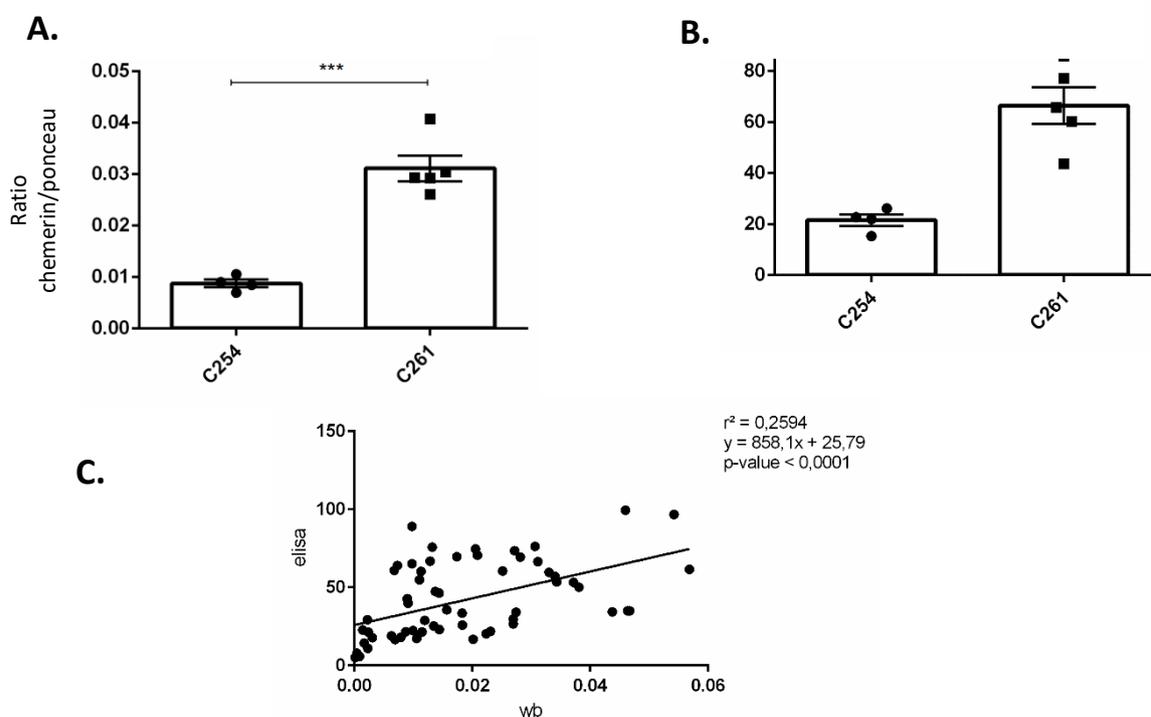


Figure III.2.26 : Mise au point du kit ELISA spécifique de la chémérine aviaire. (A : dosage semi quantitatif de chémérine par Western Blot ; B : dosage Elisa de chémérine ; C : Droite de régression entre le dosage par western blot et le kit ELISA).



A l'aide du kit ELISA, les dosages en chémérine de l'albumen ont été réalisés pour chaque lignée au cours du cycle de ponte (début, pic et fin de ponte).

| | Lignée pondeuse | | Lignée Gallus chair | | Palmip. |
|------------|-----------------|---------|---------------------|-------|--------------|
| | ISA B2S | ISA T6N | HUBBARD | SASSO | ORVIA |
| Collecte 1 | 13,12 | 18,33 | 12,30 | 24,84 | 24,40 ± 0,87 |
| Collecte 2 | 10,58 | 17,96 | 8,55 | | 19,61 ± 1,06 |
| Collecte 3 | 19,32 | 25,43 | 10,45 | | 12,13 ± 0,91 |

Figure III.2.27 : Concentration de chémérine dans l'œuf par dosage ELISA

La concentration en chémérine dans l'albumen augmente au cours du cycle de ponte chez les poules pondeuses, diminue chez les palmipèdes et est variable chez les poules de chairs. Ces résultats révèlent la spécificité intra lignée du facteur chémérine et montrent l'importance d'étudier cette molécule dans différentes lignées. Suite à ces résultats des calculs de corrélations vont être réalisés en 2022 entre la concentration en chémérine dans l'albumen et les performances de reproduction des poules et la robustesse des descendants. Une nouvelle campagne d'échantillonnage sur les descendants des animaux étudiés en 2021 sera effectuée afin d'étudier l'héritabilité de ce caractère.

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

Le SYSAAF est impliqué dans le programme Chick'Tip depuis 2019, coordonné par l'ITAVI, dont l'objectif est d'identifier des indicateurs de la qualité et robustesse des poussins à l'éclosion afin de réduire la mortalité précoce des volailles de chair.

Après l'étude de Hans Schrieke en 2020 sur la mise en évidence des caractères ou combinaison de caractères potentiellement corrélés avec la qualité du poussin, le rôle de la génétique dans l'établissement de la qualité du poussin restait à explorer avant de pouvoir envisager une amélioration de cette qualité par la sélection. Cette caractérisation génétique des critères de qualité s'est déroulée sur l'ensemble de l'année 2021.

L'étude est réalisée sur deux lignées INRAE sélectionnées de façon divergente sur le pH ultime de la viande (pHu), les lignées pHu+ et pHu-. L'objectif de cette étude est dans un premier temps d'évaluer les réponses corrélées à une sélection divergente pour le pH ultime sur la qualité du poussin. Puis, dans un deuxième temps, d'estimer les paramètres génétiques (héritabilités et corrélations génétiques) des différents indicateurs et biomarqueurs sanguins mesurés à l'éclosion (J0), le lendemain de l'éclosion avec des conditions de démarrage perturbées (J1) et à l'âge de 7 jours (J7) sur 321 animaux pedigree. Le SYSAAF a analysé les données, tout d'abord en regardant l'impact de la sélection divergente pour le pH ultime. Les indicateurs de scores de la qualité du poussin, de la croissance et physiologiques apparaissent impactés par l'augmentation des réserves énergétiques. L'augmentation de ces réserves entraîne un meilleur état physique et comportemental des animaux de la lignée pHu - durant la première semaine de vie. Le graphique ci-dessous montre le score de la qualité du poussin sur les trois périodes (J0, J1 et J7) entre les deux lignées étudiées. Ce score total de qualité a été évalué sur 12 indicateurs en lien avec l'état général et l'activité, la présence de lésions, de signes de déshydratation ou d'inflammation et de risques d'infection. L'augmentation du pH ultime de la viande est associée à une baisse du score de qualité du poussin aux trois stades de mesure (Fig III.2.28).

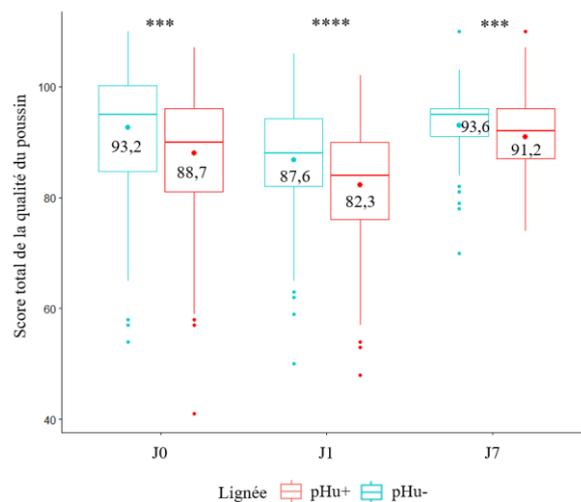


Figure III.2.28 : Evolution du Score total de qualité du poussin sur la première semaine de vie

Concernant les indicateurs de croissance, les animaux de la lignée pHu⁺ ont un poids à l'éclosion supérieur aux animaux pHu⁻. Cependant, le gain de poids relatif entre J1 et J7 est supérieur pour les animaux pHu⁻. Cet avantage est gardé jusqu'à l'abattage. Donc malgré un poids plus faible à l'éclosion, les poussins de la lignée pHu⁻ ont une meilleure croissance relative sur la première semaine de vie.

Concernant les indicateurs physiologiques, plusieurs indicateurs ont été mesurés mais seul le taux d'acide urique, d'haptoglobine et de triglycérides se caractérisent par des résultats significativement différents entre les deux lignées. Les réponses liées au métabolisme sont différentes en fonction des réserves énergétiques des animaux. Par exemple, les animaux pHu⁺ ont un taux d'haptoglobine plus élevé, qui serait lié à un état d'inflammation plus important pour ces animaux. Ce sont des résultats très intéressants pour les objectifs du programme puisque nous avons pu identifier des différences phénotypiques d'indicateurs de la qualité entre les différentes lignées sélectionnées de façon divergente, indiquant ainsi qu'un contrôle génétique de cette qualité pourrait être possible.

Pour aller plus loin et pour la première fois, des indicateurs de la qualité du poussin ont été analysés pour en estimer les paramètres génétiques. Afin de réaliser cela, le SYSAAF a utilisé un modèle animal avec le logiciel VCE6 en prenant en compte l'ensemble du pedigree disponible ainsi que des caractères de sélection pour la lignée PH. Au total ce sont 26 caractères qui ont été analysés, en mono-caractère, puis en groupe multi-caractères, sur chaque lignée puis sur les deux lignées ensemble. L'analyse multi caractère a été effectuée par groupe de 5, par pertinence pour finir sur un jeu de 16 caractères (non redondants) selon la procédure décrite (Fig III.2.29).

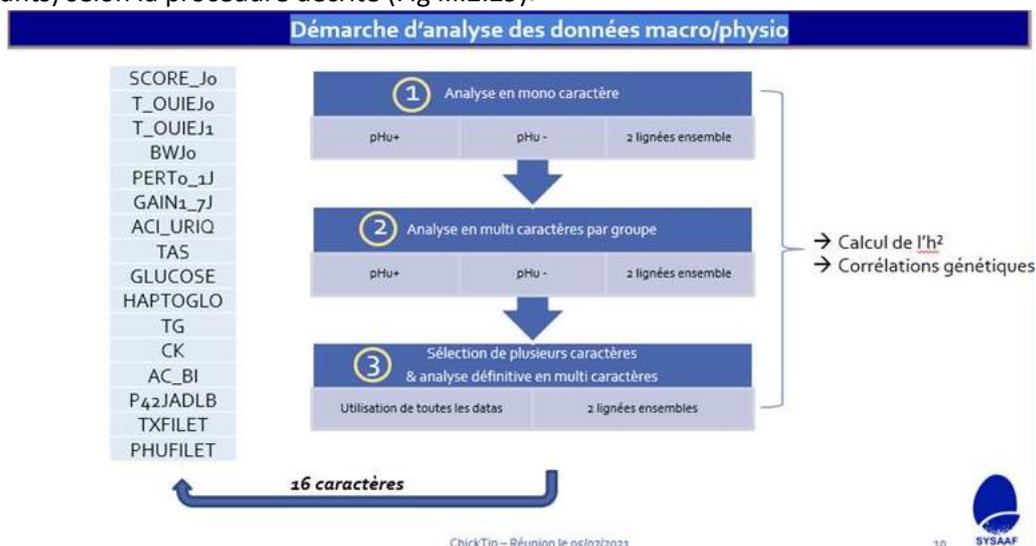


Figure III.2.29 : Schéma d'analyse génétique des critères de qualité du poussin selon un modèle animal mono puis multi caractère



Concernant le score de qualité du poussin, le niveau d'héritabilité est relativement faible ($<0,20$), mais l'héritabilité du score de qualité apparaît plus significative à l'éclosion qu'à J1 et J7.

Le poids à l'éclosion a un niveau d'héritabilité élevé, tout comme le gain de poids relatif entre J1 et J7, avec une part de la variance maternelle importante. Il existe une forte corrélation génétique positive entre le score de qualité à l'éclosion et la croissance relative entre J1 et J7 ($+0,7$). L'état initial des poussins impacte sa capacité à se développer dès l'éclosion.

Quelques indicateurs physiologiques comme le glucose, l'haptoglobine et les triglycérides ont un niveau d'héritabilité plutôt faible ($<0,20$) mais deux indicateurs, l'acide urique et le statut antioxydant total, ont un niveau d'héritabilité plutôt modéré à fort ($>0,20$). Ces deux indicateurs ont une corrélation génétique fortement positive ($+0,79$) puisque ce sont deux indicateurs de la réponse antioxydante.

Sur ces premiers résultats, nous montrons qu'il existe bien une base génétique de la qualité du poussin avec des effets favorables d'une sélection en augmentant les réserves énergétiques musculaires. Cette étude suggère des nouveaux indicateurs ou biomarqueurs qui seraient à confirmer sur de plus larges effectifs et dans d'autres populations d'intérêts.

Perspectives de publication et d'impact en sélection : Ces nouveaux critères sont maintenant en cours de validation au travers d'une nouvelle expérimentation débutée au second semestre 2022. Cette validation dont les travaux d'analyses statistiques sont encore en cours, devrait, au final, permettre de définir de nouveaux critères de sélection permettant d'avoir un compromis entre production, robustesse et qualité du produit pour une production plus durable de la viande.

Des premiers résultats ont été publiés lors des JRA à Tours en Mars 2022, et d'autres le seront lors du World's Poultry Congress se tenant à Paris en Août 2022.

3-2-2-12 Recherche de biomarqueur prédictif de la taille du foie des canards mulards après gavage

L'objectif du projet Chemeco est de qualifier à partir de quel stade la chémérine devient un biomarqueur fiable de la capacité à la stéatose hépatique chez le canard mulard. Ce projet est réalisé en collaboration avec les entreprises de sélection palmipèdes adhérentes du SYSAAF, le groupe Grimaud Frère et le groupe Orvia. Des dosages de chémérine plasmatique ont été réalisés à J7, J29, J55, J70, J84 (date de début de gavage), J89, J96 (fin de gavage), 104 (soit 8 jours après gavage), J117 (2 semaines après gavage), J125 (3 semaines après gavage). A chacune de ces dates, des pesées des animaux et prélèvements de sang ont été réalisés puis des pesées et prélèvements de foie et autres tissus (peau, magret et tissu adipeux abdominal) ont été effectués sur 14 animaux ($n=7$ provenant de chaque sélectionneur). Les résultats ci-dessous sont présentés pour l'ensemble des animaux.

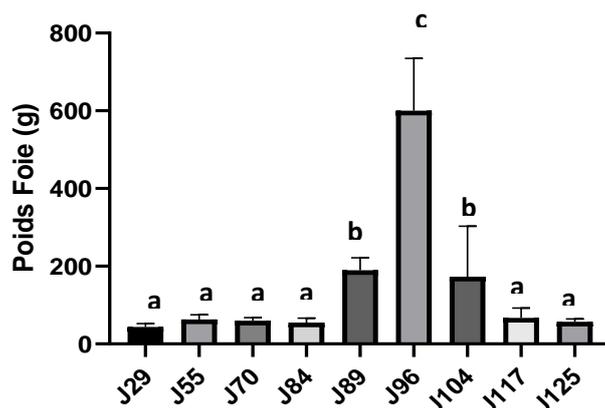


Figure III.2.30 : Evolution du poids du foie des canards mulards avant et après gavage

Vingt et un jours après l'arrêt du gavage le poids du foie est significativement diminué pour retrouver un poids similaire à celui d'un animal non gavé 29 jours après l'arrêt du gavage (cf. ci-dessus, des lettres différentes indiquent des différences significatives). Suite à ces résultats qui corroborent avec la littérature la concentration plasmatique de chémérine durant l'élevage a été mesurée (Figure III.2.31).

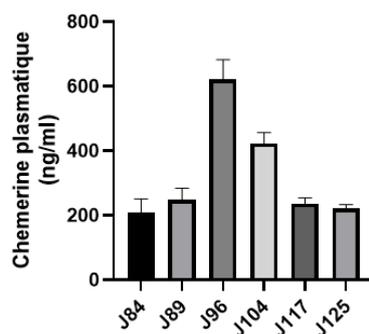


Figure III.2.31 : Concentration de chémérine plasmatique avant, pendant et après gavage des canards mulards

La concentration de chémérine plasmatique augmente au cours du gavage et diminue significativement après arrêt du gavage (différences statistiquement significatives). Deux semaines après gavage, la concentration plasmatique de chémérine retrouve son niveau d'avant gavage. Fort de ces résultats nous avons entrepris des calculs de corrélation entre la concentration plasmatique de chémérine et le

| | J7 | J29 | J55 | J70 | J84 | J89 | J96 |
|---|-------|-------|------|-------|--------|--------|--------|
| r | -0,54 | -0,26 | 0,20 | 0,79 | 0,96 | 0,96 | 0,96 |
| p | 0,04 | 0,37 | 0,69 | 0,001 | 0,0001 | 0,0001 | 0,0001 |

pooids du foie.

Figure III.2.32 : Corrélation concentration de chémérine plasmatique et poids du foie à l'abattage chez animaux gavés (n=14)

Une corrélation très significative entre la chémérine plasmatique et le poids du foie à l'abattage a été observée que ce soit au début de gavage, en milieu ou en fin de gavage. Cette corrélation est également significative à J70 mais non significative à J55 ou J29.

Afin de transférer cette technologie à la production avicole et donc aux adhérents du SYSAAF, un kit de dosage ELISA spécifique de la chémérine aviaire a été mis au point, afin de permettre aux sélectionneurs de doser à moindre coût et à haut débit la concentration de chémérine plasmatique.

3-2-2-13 Impact de mécanismes épigénétiques sur les phénotypes comportementaux chez les oiseaux

En France, les populations sauvages de petits gibiers notamment celles inféodées aux milieux agricoles sont en déclin. Afin de pallier à la diminution de ces espèces souvent emblématiques, des mises en nature de gibiers d'élevage sont effectuées chaque année que ce soit pour répondre à des objectifs cynégétiques ou à des objectifs de repeuplement et de conservation. De nombreuses études montrent cependant que les capacités d'adaptation et la survie des individus nés et élevés en captivité sont en comparaison aux individus sauvages, plutôt faibles en milieu naturel.

L'objectif du projet GibAdapt est donc d'identifier des méthodes susceptibles d'optimiser la survie et de favoriser les capacités d'adaptation et de reproduction du gibier d'élevage après sa mise en nature. Ce programme de recherche collaboratif, coordonné par le SYSAAF, rassemble des organismes professionnels et des organismes scientifiques (InterProchasse, l'Université de Rennes 1, l'INRAE et l'Institut Méditerranéen du Patrimoine Cynégétique et Faunistique (IMPCF)) et mobilise un sélectionneur de gibier, des éleveurs et 3 Fédérations Départementales de Chasseurs. L'originalité du projet GibAdapt est de s'intéresser aux influences parentales prénatales, dont les effets sur le développement comportemental des jeunes ont largement été démontrés.

Une première étude a été réalisée chez la caille japonaise (*Coturnix coturnix japonica*) en laboratoire et donc en conditions contrôlées. Cette partie du projet GibAdapt a permis 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. La réactivité émotionnelle et les capacités d'apprentissage des poussins ont été évaluées afin de mettre en évidence l'impact des traitements prénataux sur des comportements essentiels à l'adaptation d'un individu à son environnement. En complément de cette caractérisation comportementale, des analyses physiologiques (corticostérone plasmatique, composition hormonale des œufs) et neurobiologiques (mécanismes épigénétiques) ont été réalisées.

Une seconde étude a ensuite été mise en place chez la perdrix rouge (*Alectoris rufa*). Celle-ci avait pour but de mettre en application en élevage et en milieu naturel l'étude préalablement réalisée chez la caille japonaise. Les conditions de vie des reproducteurs mais également de leurs jeunes ont ainsi été modifiées puis ces derniers ont été mis en nature et leur survie a été évaluée.

Au cours de l'année 2021, les principales études du projet GibAdapt ont été finalisées. Les capacités d'apprentissage des cailles de troisième génération issues des femelles maintenues dans des conditions complexes et variables ont été évaluées. Cette expérience a notamment été réalisée dans le cadre du stage de master 2 de Clémentine Tchadjiane.

La survie des perdrix mises en nature en août 2020 a également été évaluée notamment dans le cadre du stage de master 2 d'Audrey Bailly. Afin d'estimer le nombre d'oiseaux encore sur site, des campagnes de captures ont ainsi été mises en place sur les trois territoires français où les perdrix avaient préalablement été relâchées. En complément à ces captures, des comptages au chant et des estimations de densité de type IKPRV ont également été réalisés. Parallèlement à ces deux expérimentations, la composition hormonale des œufs des cailles japonaises et des perdrix rouges étudiées a été analysé en collaboration avec des partenaires de l'Université Vétérinaire de Vienne.

C'est également au cours de l'année 2021 que le manuscrit de thèse de Marion Charrier a été rédigé. Ce manuscrit a permis la synthèse de la majorité des résultats récoltés lors du projet GibAdapt et la rédaction d'articles scientifiques dont l'un a été accepté pour publication dans la revue *Psychoneuroendocrinology*. Suite à la rédaction du manuscrit, Marion Charrier a ensuite présenté les résultats du projet GibAdapt lors de sa soutenance de thèse le 29 octobre 2021 à Rennes.

La masse impressionnante de données collectées lors de ce travail de thèse n'ayant cependant pas pu être totalement exploitée, une discussion a été engagée avec l'ensemble des partenaires du projet pour poursuivre les travaux en 2022 au-delà de la thèse. Cette prolongation a été actée en Février 2022 et devrait permettre une valorisation scientifique et professionnelle plus conséquente de ce vaste programme.

3-2-2-14 Phénotypage de caractères d'intérêt chez la mouche soldat noire.

Les travaux déjà présentés en 2020 sur ce thème ont été poursuivis sur 2021. L'objectif était en particulier d'étudier la faisabilité de la prédiction par spectroscopie pour un certain nombre de caractères d'intérêts chez *Hermetia illucens*. A l'issue de cette seconde série d'analyse en 2021, il n'a cependant pas été possible d'obtenir des résultats suffisamment probants sur les caractères recherchés et les conclusions obtenues en 2020 restent inchangées.

3-2-3 Références citées

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

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

3-2-4 Acquisition de connaissances

Les travaux expérimentaux présentés dans cet axe ont permis de développer et parfois valider différentes méthodes de phénotypage innovantes, généralement pour caractériser, puis quantifier de nouveaux caractères qui peuvent être pris en considération dans les programmes de sélection génétique, pour l'espèce considérée. Ils ont le plus souvent été réalisés dans le cadre de programmes



expérimentaux ayant bénéficié de financements, avec la contribution active des salariés du SYSAAF, mais également de nombreux partenaires publics et privés.

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

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



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

(Objectif opérationnel 4, Thématiques 1 & 2)

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

3-3-1 Objectifs du projet

Une des missions du SYSAAF concerne la gestion et la préservation du patrimoine génétique des populations des espèces avicoles et aquacoles. Pour mener à bien cette mission, la caractérisation de ce patrimoine génétique est un préalable indispensable afin d'apprécier la diversité génétique intra population et inter population, puis d'adapter en conséquence leur gestion. Un objectif du SYSAAF est donc de caractériser la diversité génétique inter et/ou intra population sur la base d'informations génomiques, en 2021 chez la crevette bleue (financement Polynésie française).

La gestion et la préservation de la diversité génétique répond à plusieurs objectifs. Une gestion raisonnée des accouplements garantit la conservation de la variabilité génétique, nécessaire dans les populations sélectionnées pour réaliser du progrès génétique. La gestion des accouplements permet également malgré le nombre restreint de reproducteurs de limiter l'augmentation de la consanguinité dans les populations en conservation. En aquaculture, le recours à des plans de fécondation de type semi-factoriel et à des assignations de parenté par empreintes génétiques maximise la conservation de la variabilité génétique. Chez le turbot (Turboost), l'assignation de parenté était réalisée par un panel de 12 microsatellites, et les performances de l'assignation de parenté, bien que correctes, pouvaient être améliorées via le développement d'un panel de 96 marqueurs SNP, tout en réduisant le coût de l'outil. Chez le canard, un panel d'assignation microsatellite existait également, mais n'était pas utilisé car peu performant. D'autres espèces, comme la palourde japonaise (ResiPal), la crevette bleue, la crevette monodon (OSO), la perdrix rouge et la perdrix grise (RufAssign), la poule (Poule Noire de Challans) ne disposaient pas d'outils microsatellites préexistants et requéraient donc le développement de panels d'assignation SNP. Le développement de ces outils repose sur l'identification de ressources génomiques, le choix de marqueurs présentant les caractéristiques optimales (qualité du génotypage, fréquence des allèles dans les populations d'intérêt...), le choix du laboratoire de génotypage en routine et la validation de leur puissance d'assignation. Chez les crevettes, les spermatophores de plusieurs mâles sont utilisés avec une même femelle, mais la participation des différents mâles à la descendance n'est pas connue : les panels d'assignation permettront de déterminer la contribution relative des différents géniteurs utilisés lors des fécondations et d'adapter le programme de sélection en conséquence. Pour les espèces avicoles, la gestion du patrimoine génétique via le contrôle des accouplements repose dans la plupart des espèces sur l'insémination artificielle et le recours à des cages individuelles pendant la période de ponte. Compte-tenu de l'évolution des attentes sociétales en matière de bien-être animal, ces pratiques et modes d'élevage risquent d'être remis en cause. Et dans le cas de races locales élevées sur plusieurs sites, ces dispositifs sont peu adaptés. Un enjeu majeur pour le SYSAAF est d'anticiper cette évolution et de répondre aux besoins en mettant au point des panels SNP d'assignation de parenté et des méthodes adaptées, notamment pour la poule (Noire de Challans), les canards (PalmiP, AsparCan), les perdrix (RufAssign). La préservation du patrimoine génétique peut avoir pour objectif de contrôler l'impact des pratiques de sélection ou de repeuplement sur la diversité génétique de populations domestiques et/ou sauvages. Le SYSAAF répond à cet objectif avec le transfert sur une nouvelle technologie du panel ARC pour la détection de l'hybridation entre la perdrix rouge et la perdrix choukar, sur un outil devant aussi servir en sélection pour l'assignation de parenté. Le SYSAAF collabore également avec MIGADO pour la restauration écologique de populations de truites, et des travaux ont été réalisés afin d'analyser l'impact du repeuplement sur le terrain. Dans le programme Géronimo, le SYSAAF est impliqué dans la



réalisation d'un état des lieux de la gestion génétique des races locales à l'échelle européenne. Dans le projet Chimère (collaboration entre le SYSAAF et Marina Govoroun de l'équipe Physiologie de la Reproduction et des Comportements de l'INRAE), c'est un tout autre aspect de la conservation qui est abordé : le but de cette étude est d'évaluer le potentiel de l'utilisation de cellules germinales primordiales (PGC) en tant que ressources génétiques conservatoires quand il est impossible de conserver une lignée avicole sur pied. Enfin, dans le programme INTAQT, le SYSAAF proposera un outil génomique pour la certification de l'origine de produits commercialisés sous le sigle de qualité Label Rouge, cette production s'appuyant sur une grande diversité de souches de volailles.

3-3-2 État de l'art

a - Caractérisation des populations

La caractérisation de populations peut être réalisée sur la base de marqueurs génétiques en calculant différents indicateurs, principalement basés sur la fréquence des allèles (différentes versions d'une même position du génome), des génotypes (résultat de l'observation de la combinaison de 2 allèles à un marqueur SNP), et/ou la proportion de régions polymorphes du génome (Toro et al., 2009). Des études de diversité génétique ont déjà été réalisées dans différentes espèces, montrant notamment que, par rapport au pedigree, les marqueurs SNP permettent d'observer la localisation des zones plus ou moins diverses dans le génome. Cette connaissance permet de conserver les individus originaux pour certaines régions chromosomiques ; niveau de connaissance sur la diversité ne pouvant être atteint avec la seule connaissance du pedigree (Engelsma et al., 2012). Les études de diversité peuvent être réalisées avec des nombres élevés de marqueurs, par exemple 50K SNP utilisés sur des vaches de race Holstein (Engelsma et al., 2012), 50K SNP chez le mouton (Prieur et al., 2017), mais également avec des panels de SNP de petite taille : 64 SNP chez le poulet (Viale et al., 2017) ou différentes espèces aquacoles telles que la truite (Liu et al., 2015). Il est donc possible de caractériser la diversité génétique de populations sur la base de marqueurs SNP et ce même en utilisant une faible densité de marqueurs. La crevette bleue *Litopenaeus stylirostris* est l'espèce majoritairement élevée dans les territoires outremer français. Originaires des côtes mexicaines, elle a été importée dans les années 70 en Polynésie française, puis en Nouvelle-Calédonie. À l'annonce d'un programme de sélection sur cette espèce en Polynésie française, il est important de mesurer la diversité génétique dans la population polynésienne pour s'assurer du potentiel de sélection. Un panel d'assignation contenant 413 SNPs a déjà été développé en 2016 à partir de ressources génétiques de la population Nouvelle-Calédonie, cet outil pourrait servir de base pour mesurer des indicateurs de diversité génétique chez cette espèce.

b - Assignation de parenté

L'assignation de parenté consiste à reconstituer le pedigree dans une population sur la base de marqueurs moléculaires. Dans plusieurs espèces, les assignations de parenté ont été développées en se basant sur des marqueurs microsatellites, caractérisés par la variabilité du nombre de répétitions d'un motif d'ADN. Les panels initialement mis au point chez la truite, le bar et la daurade avec cette technologie permettent d'atteindre des taux d'assignation proches de 100% (Vandeputte and Haffray, 2014). Pour les développements des panels d'assignation les plus récents, ce sont les marqueurs SNP qui sont préférés, avec des panels de petite taille permettant d'atteindre de très bons taux d'assignation, en fonction du nombre de parents utilisés à chaque génération (Vandeputte, 2012) (Villanueva et al., 2002) : 192 SNP utilisés chez le mouton pour un taux d'assignation de 95% (Tortereau et al., 2017), 48 SNP utilisés chez la truite pour un taux d'assignation de 98% (Liu et al., 2016). La sélection et la conservation de différentes espèces pourraient bénéficier de ce type d'outil : truite, palourde japonaise, turbot, crevette bleue, crevette monodon, perdrix grise, perdrix rouge, canard barbare, canard commun, poule. Pour ces espèces caractérisées par des individus ayant une faible valeur monétaire (par opposition aux animaux des filières ruminant notamment), le coût de l'analyse d'assignation doit être très peu élevé pour permettre son utilisation en routine sur un large nombre de reproducteurs et de descendants, et il est donc crucial de maximiser le taux d'assignation avec le



nombre de SNP le plus faible possible. La mise au point de ces outils nécessite donc un investissement en R&D afin d'optimiser le choix des marqueurs et les méthodes d'analyse. Chez la palourde japonaise *Ruditapes philippinarum*, un panel d'assignation de parenté avait été développé au cours du projet européen Vivaldi (Smits et al., 2020). Toutefois la qualité des SNPs identifiés s'était révélée moyenne, notamment en raison du fort polymorphisme rapporté chez les mollusques. La publication d'un nouveau génome de référence pour la palourde japonaise en 2019 (Yan et al., 2019) nous donne l'opportunité d'améliorer le panel d'assignation (projet RésiPal). Chez la crevette *Penaeus Monodon*, deux bases de données de ressources génomiques sont disponibles dans la littérature (Baranski et al., 2014; Guo et al., 2019), mais des tests réalisés en 2020 ont montré que ces ressources n'étaient pas adaptées à la population étudiée, et qu'il était nécessaire de développer des marqueurs dédiés. Chez le canard, à l'issue du programme CanArray, il avait été démontré *in silico* qu'un même panel de 96 marqueurs SNP pouvaient permettre de réaliser l'assignation de parenté du canard Pékin, du canard de Barbarie, et de leur hybride mulard. Le SYSAAF a été sollicité par l'INRAE afin de développer un tel outil : en raison de la pandémie de Covid19, l'enregistrement du pedigree de plusieurs lots de canards de lignées expérimentales n'a pas pu être réalisé. L'assignation de parenté est le seul moyen d'obtenir le pedigree de ces animaux, qui est indispensable pour mener à terme le programme de recherche basé sur ces lignées, d'où l'émergence du programme AsParCan. Chez la poule des marqueurs avaient été identifiés pour l'assignation de parenté dans le programme RefGenDivA, mais seuls des tests d'assignation *in-silico* avaient été réalisés. L'utilisation en conditions réelles de ces marqueurs sera à réaliser chez la Poule Noire de Challans. Pour la perdrix rouge et la perdrix grise, le projet RufAssign a été accepté afin de développer des panels d'assignation de parenté pour ces deux espèces et de rendre possible leur suivi pedigree avec une reproduction en volières, plus conforme aux attentes sociétales.

c - Préservation et conservation de la diversité

Chez la perdrix rouge, une vérification de la pureté (absence d'allèles Choukar) est nécessaire pour la commercialisation sur certains marchés. Des marqueurs existent sur un panel dédié (panel ARC & Fedenca, Vallance et al., 2006), mais son coût limite son utilisation à la réalisation de sondages parmi les animaux sélectionnés.

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

a - Caractérisation des populations

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

b - Assignation de parenté

Pour les espèces concernées par le développement de panels d'assignation de parenté SNP (poule, perdrix rouge, perdrix grise, oie, canard commun et canard de Barbarie, palourde, crevette bleue, crevette monodon, turbot, truite), un enjeu majeur des travaux de recherche engagés est l'obtention de taux d'assignation élevés (supérieur à 95%) avec un nombre le plus petit possible de marqueurs afin que le coût de l'analyse permette une utilisation en routine des outils d'assignation de parenté. Il a été montré dans une population de truite d'un sélectionneur concurrent que moins de 50 SNP pouvaient être utilisés (Liu et al., 2016), mais la structuration des populations de truites françaises diffère de celle déjà étudiée. Par ailleurs, le SYSAAF vise à développer des outils communs intra-espèce afin de mutualiser les coûts de développements et d'utilisation des outils entre les sélectionneurs adhérents. Les panels d'assignation 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). Chez la truite arc-en-ciel *Oncorhynchus Mykiss*, des individus triploïdes sont utilisés dans les élevages car ils présentent l'intérêt d'être stériles. Jusqu'à présent, ces



individus posent toutefois un problème, car il n'est pas possible de les assigner à parenté : les outils d'assignation de parenté développés ne fonctionnant en effet que pour le cas général des individus diploïdes, ce qui nécessitera une évolution des logiciels.

c - Préservation et conservation de la diversité

Un verrou à lever est celui du changement de technologie, de précédents projets portant sur le transfert de panels d'assignation de parenté nous ayant permis de constater que des marqueurs fonctionnant dans une technologie peuvent ne pas donner les résultats attendus avec une autre technologie. Il s'agit dans RufAssign d'une contrainte majeure car la liste de marqueurs utilisables pour attester de la pureté de la perdrix rouge fait l'objet d'une réglementation, et en cas de défaillance d'un marqueur, celui ne peut être simplement remplacé par un autre.

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

a - Caractérisation des populations

Chez la crevette bleue *Litopenaeus stylirostris* polynésienne, des tests de génotypage ont confirmé la présence et la variabilité des marqueurs initialement développés sur la même espèce en Nouvelle-Calédonie. Les deux territoires océaniques se sont accordés pour le partage de l'outil, son officialisation reste en attente du financement polynésien. Les échantillons prélevés au cours de l'année 2020 parmi les cohortes de production à Tahiti et dans les populations sauvages du Mexique seront envoyés à analyser en 2022 dès l'officialisation de la copropriété de l'outil en vue de l'analyse de variabilité génétique de la souche polynésienne.

b - Assignation de parenté

En 2021, dans le cadre du projet de recherche HypoTemp, l'outil APIS développé et utilisé par le SYSAAF pour effectuer l'assignation de parenté a été adapté pour permettre l'assignation des individus triploïdes pour une application chez la truite. Ces modifications ont été validées par l'assignation à parenté réussie de 3000 truites triploïdes.

Chez la crevette bleue, les premiers tests effectués ont confirmé la présence dans la population de crevette de Polynésie des marqueurs du panel d'assignation de 413 SNPs développé en 2016 à partir des ressources génétiques de la population de Nouvelle-Calédonie. Le transfert du panel est en cours et doit aboutir en 2022. Des familles ont été produites à partir des ressources génétiques polynésiennes pour valider la possibilité de reconstituer les familles grâce à ce jeu de marqueurs. Une étude de paramètres génétiques a été lancée fin 2021 dans laquelle il est prévu au cours de l'année 2022 la reconstitution du pedigree de 4000 crevettes grâce au panel d'assignation.

Chez la palourde japonaise *Ruditapes philippinarum* (RésiPal), la détection de nouveaux SNPs candidats à partir d'un jeu de données de séquençage RNAseq, en collaboration avec l'Université de Bretagne Occidentale et l'Université de Padoue, a abouti à la définition d'un panel d'assignation de 96 marqueurs en fin d'année 2020. Des extractions ADN à partir de différents tissus et fluides ont été testés afin de valider des protocoles d'extraction. Finalement des extraits d'ADN de palourdes phénotypées ont été envoyés à génotyper. Le pedigree déjà reconstitué pour une partie de ces palourdes doit permettre le contrôle de l'efficacité d'assignation du panel d'assignation mis en place.

Chez le turbot (Turboost), le SYSAAF a collaboré avec France Turbot Ictus et Gentyane pour développer un panel d'assignation à parenté par SNP grâce à un outil de technologie Kaspar avec 96 marqueurs. Le design, la fabrication de l'outil d'assignation du turbot et sa validation ont été réalisés courant 2019-2020. En 2021, il a été possible d'utiliser ce panel pour génotyper et assigner deux lots expérimentaux de turbots à leurs parents (2164 individus). Sur les 53 pères et 13 mères utilisés pour créer les lots expérimentaux, on retrouve grâce à l'assignation à parenté 29 pères et 6 mères pour 56 familles de pleins-frères. Le taux d'assignation utile (c'est-à-dire la proportion d'individus génotypés avec succès assignés sans ambiguïté à un couple parental par rapport au nombre total d'individus correctement génotypés) est de 75,9%, pour une puissance d'assignation du panel de 99,999% en utilisant le logiciel



d'assignation APIS (Griot et al, 2019). Ce panel fonctionne, et pourra servir à l'avenir à reconstituer le pedigree de nombreux autres turbots grâce à une technologie actuelle (par opposition aux marqueurs microsatellites qui étaient jusqu'à présent utilisés dans cet objectif).

Chez la crevette *Penaeus Monodon* (OSO), les résultats de l'année dernière ont montré que les ressources génomiques disponibles dans la littérature n'étaient pas suffisamment informatives pour les besoins d'assignation de parenté. Des ressources génomiques propres ont donc été développées: 10 trios père-mère-descendants ont été envoyés à séquencés sur la plateforme Get-IT (Toulouse). Un séquençage Illumina High-Seq, couverture minimale 20X a été réalisé. Les séquences obtenus ont traitées par la plateforme de bioinformatique SIGNENAE. L'alignement a été faite sur le génome de référence de (Uengwetwanit et al., 2021). Plus de 6 millions de SNPs ont été identifiés. Après filtres qualités, un panel de 1500 marqueurs a été identifié et va être testé via un panel de type GBS (Agri-Seq) en 2022.

Dans RufAssign, en 2021, des prises de sang ont été effectuées sur des trios de perdrix rouge père-mère descendant au pedigree connu grâce à une reproduction en cage, afin d'utiliser ces trios pour valider les marqueurs qui seront utilisés dans le projet. La reproduction en groupe des perdrix rouge a également été réalisé, dans 4 parcs collectifs dans lesquels ont été placés d'une part 50 mâles et 50 femelles (*2), et d'autre part 35 mâles et 50 femelles (*2) afin de tester l'effet du sex-ratio sur les résultats de reproduction. Les adultes, ainsi que les perdreaux éclos issus de ces volières ont été prélevés en sang. Une liste de marqueurs pour la perdrix rouge a été préparée et soumise au laboratoire INRAE Gentyane pour design des amorces. Cette liste inclut des marqueurs destinés à l'assignation de parenté, des marqueurs pour la détection de l'hybridation avec la perdrix choukar et des marqueurs pour le sexage. Les extractions d'ADN ont été réalisées, le génotypage aura lieu en 2022.

Dans le programme AsParCan, à partir de la puce bi-espèce canard 670K SNP, 192 marqueurs ont été présélectionnés. Les critères de choix ont porté sur la faisabilité d'un changement de technologie (allongement des amorces pour le passage de la technologie Axiom à la technologie KASPar), et sur la qualité et le polymorphisme des marqueurs : taux de génotypage > 0.95%, aucune incompatibilité mendélienne, MAF d'au moins 0.10 intra-espèce, élimination des marqueurs les plus redondants. Les 192 marqueurs retenus ont été génotypés en KASPar sur les parents du dispositif, ainsi que sur des animaux ayant des liens de filiation connus, pour un total de 334 échantillons. Les marqueurs présentant un taux de génotypage supérieur à 95% et aucune incompatibilité mendélienne ont été conservés, puis un tri a été effectué sur la fréquence allélique, le déséquilibre de liaison et la répartition homogène sur l'ensemble des chromosomes. Une liste de 96 marqueurs a été proposée à l'issue de ces filtres. La Figure présente la distribution de la MAF chez les deux espèces pour les SNP retenus.

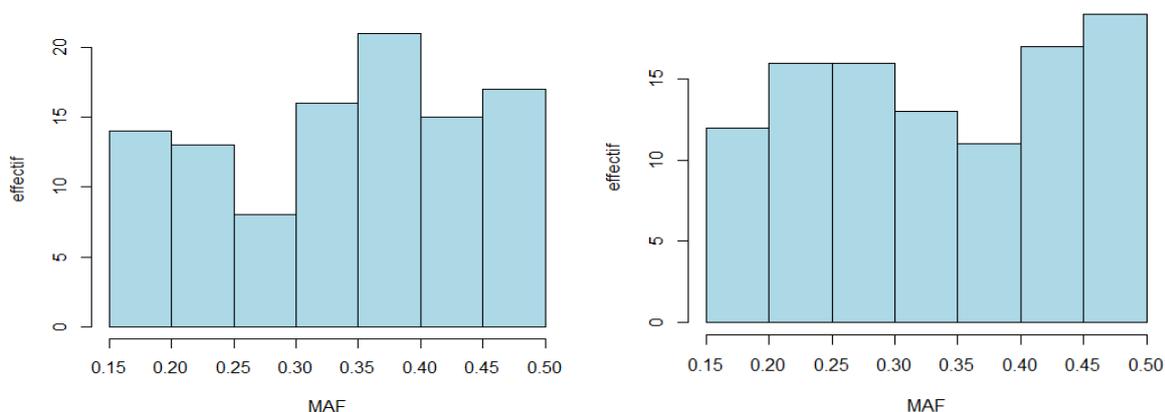


Figure III.3.1 : Distribution de la MAF des 96 marqueurs du panel d'assignation dans les lignées expérimentales INRAE pékin (à gauche) et barbarie (à droite)

Les taux d'assignation élevés obtenus avec ces 96 marqueurs (autour de 98%) ont permis de valider la qualité du panel. Les 192 marqueurs utilisés étant issus d'une puce développée sur plusieurs lignées



commerciales aux orientations diverses (canards gras et maigres), il devrait être possible de proposer des listes de 96 marqueurs opérationnelles pour d'autres lignées.

Dans le cadre du projet PalmiP, 15 échantillons de Canard de Rouen et 34 échantillons de Canard de Duclair ont été inclus pour génotypage sur la puce 670K développée dans le projet CanArray. Comme mentionné plus haut, les données issues de ce génotypage ont permis de dégager 192 marqueurs candidats pour constituer un panel de marqueurs adapté au projet AsParCan. Ces marqueurs ont été transférés sur la technologie KASPar pour génotypage. Trente-six échantillons de Canard de Duclair et 10 échantillons de Canard de Rouen ont pu être inclus dans cette deuxième phase de génotypage. Les résultats en termes de diversité génétique se sont avérés très satisfaisants. Pour le Canard de Duclair, la MAF moyenne se situait à 0.26 sans écart observé à l'équilibre de Hardy-Weinberg. De plus, le calcul de la probabilité d'identité (5×10^{-49}) et de la probabilité d'exclusion (0.999) souligne le potentiel de ces marqueurs quant à leur utilisation dans un contexte d'assignation de parenté. Un patron de diversité identique a été identifié chez le Canard de Rouen (MAF moyenne de 0.28, probabilité d'identité de 2.6×10^{-45} , probabilité d'exclusion de 0.9999). Enfin, le F_{ST} calculé entre ces deux races est élevé (0.1344) et confirme le haut niveau de différenciation génétique. En résumé, ces résultats indiquent que les marqueurs développés pour AsParCan pourront également être utilisés chez les deux races locales du projet PalmiP, autant sur des thématiques d'assignation de parenté que d'assignation à la race.

Pour la poule Noire de Challans, la campagne d'extraction d'ADN à partir d'échantillons de crête a été un succès avec de l'ADN en qualité et en quantité suffisante pour génotypage. Cinquante-six individus ont donc été génotypés à l'aide des 96 marqueurs sélectionnés l'année passée sur la base des données du projet RefGenDivA. Le passage de la technologie Illumina à la technologie KASPar pour l'amplification de ces marqueurs a occasionné la perte de 26 d'entre eux. L'analyse sur la base des 70 marqueurs restants montre (1) qu'aucune signature de consanguinité n'est détectée, (2) que les niveaux de diversité génétique dans cette population sont parfaitement compatibles avec une analyse d'assignation de parenté. L'algorithme de recuit-simulé produit l'année passée afin de construire les plans de croisement optimaux du point de vue de la gestion de la consanguinité a été utilisé pour associer les animaux. Une forte mortalité a empêché la mise en place des parquets, néanmoins les descendants issus de la reproduction des animaux restants seront à leur tour génotyper en 2022 afin de pouvoir commencer la construction du livre généalogique de la race.

c – Préservation et conservation de la diversité

Chez la perdrix rouge l'hybridation avec la perdrix Choukar n'est pas souhaitée pour les animaux destinés au marché espagnol. Dans le cadre du projet RufAssign, le transfert du panel existant de détection de l'hybridation a été initié. A cette fin, les amorces des marqueurs du panel préexistant ont été allongées et préparées pour permettre l'analyse de ces marqueurs avec la technologie Kaspar. Les amorces ont été transmises au laboratoire INRAE Gentyane pour design, et ces marqueurs seront génotypés en 2022.

Concernant le saumon, une analyse rétrospective de l'action de repeuplement de MIGADO depuis 2008 a été conduite en 2020 grâce aux données de génotypage et d'assignation de plus de 10 000 individus (dossier CIR 2020). Le fruit de ce travail a été rédigé et publié sous la forme d'un article scientifique dans une revue internationale en 2021 (Vandeputte et al., 2021).

Dans le cadre du projet Chimères, les résultats de génotypage des individus d'intérêts a été effectué à l'aide des 96 marqueurs sélectionnés l'année passée. Du fait du passage de la technologie Illumina à la technologie KASPar, dix-huit de ces marqueurs ont donné des résultats de génotypage de trop mauvaise qualité pour être inclus dans l'analyse. L'adaptation de la méthode implémentée dans le logiciel BTH (projet Hybridation Caille) n'a pas donné de résultats satisfaisants pour classer les individus selon leur statut génétique (Noire du Berry, Rhode-Island, hybride entre les deux races). Une approche classique à l'aide d'une analyse en composante principale a donc été préférée (Figure III.3.12). Cette approche a permis de confirmer l'obtention d'individus hybrides Rhode Island x Noire du Berry à partir de chimères



et ce malgré la faible proportion de cellules germinales issus des PGCs injectées à l'intérieur des chimères.

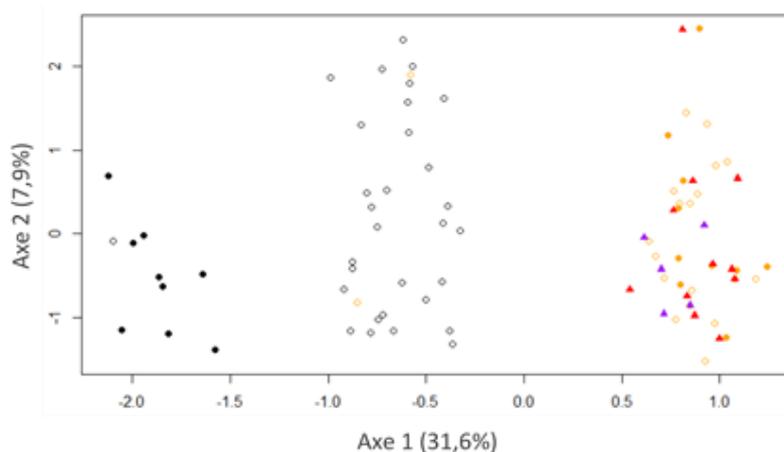


Figure III.3.12 : ACP sur la base des fréquences alléliques des 87 individus analysés. Les cercles pleins représentent les populations génitrices de NdB (noir) et RI (orange). Les cercles ouverts représentent les individus générés par les différents croisements (noir pour les individus suspectés d'être au minimum hybrides NdBxRI et orange pour les individus suspectés d'être RI. Enfin les triangles représentent les échantillons prélevés sur les gonades (en rouge) et la semence (violet) de chimère.

La première tâche du projet européen GERONIMO dans laquelle le SYSAAF est impliqué a démarré en 2021 (Tâche 3.1). Cette tâche consiste à produire et diffuser un questionnaire permettant de dresser l'état des lieux de la gestion génétique des races locales à l'échelle européenne. Au cours de cette année, le SYSAAF a donc participé à la construction de ce questionnaire en lien avec l'IFIP, coordinateur de la tâche. Ce questionnaire a ensuite été diffusé entre le 1er Octobre 2021 et le 31 Décembre 2021. L'analyse statistique de ce questionnaire aura lieu dans les premiers mois de 2022.

Le SYSAAF est également impliqué dans le projet européen INTAQT. Le SYSAAF interviendra en tant que prestataire de l'INRAE à l'intérieur du work package 4. Spécifiquement, le SYSAAF aura pour mission de produire un outil génomique permettant de certifier l'origine de produits sous le sigle de qualité Label Rouge. Les premiers échanges entre partenaires de la tâche interviendront au cours de l'année 2022. Le premier objectif sera de coordonner l'échantillonnage permettant de produire la base de données génomiques qui servira de référence à cet outil de certification.

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

Baranski, M., Gopikrishna, G., Robinson, N.A., Katneni, V.K., Shekhar, M.S., Shanmugakarthish, J., Jothivel, S., Gopal, C., Ravichandran, P., Kent, M., Arnyasi, M., Ponniah, A.G., 2014. The Development of a High Density Linkage Map for Black Tiger Shrimp (*Penaeus monodon*) Based on cSNPs. PLOS ONE 9, e85413. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0085413>

Engelsma, K. a., Veerkamp, R. f., Calus, M. p. l., Bijma, P., Windig, J. j., 2012. Pedigree- and marker-based methods in the estimation of genetic diversity in small groups of Holstein cattle. Journal of Animal Breeding and Genetics 129, 195–205. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2012.00987.x>

Guo, L., Xu, Y.-H., Zhang, N., Zhou, F.-L., Huang, J.-H., Liu, B.-S., Jiang, S.-G., Zhang, D.-C., 2019. A High-Density Genetic Linkage Map and QTL Mapping for Sex in Black Tiger Shrimp (*Penaeus monodon*). Front Genet 10, 326. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00326>

Liu, S., Palti, Y., Gao, G., Rexroad III, C.E., 2016. Development and validation of a SNP panel for parentage assignment in rainbow trout. Aquaculture 452, 178–182. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2015.11.001>



Prieur, V., Clarke, S.M., Brito, L.F., McEwan, J.C., Lee, M.A., Brauning, R., Dodds, K.G., Auvray, B., 2017. Estimation of linkage disequilibrium and effective population size in New Zealand sheep using three different methods to create genetic maps. *BMC Genet.* 18, 68.

<https://doi.org/10.1186/s12863-017-0534-2>

Smits, M., Enez, F., Ferraresso, S., Dalla Rovere, G., Vetois, E., Auvray, J.-F., Genestout, L., Mahla, R., Arcangeli, G., Paillard, C., Haffray, P., Bargelloni, L., 2020. Potential for Genetic Improvement of Resistance to *Perkinsus olseni* in the Manila Clam, *Ruditapes philippinarum*, Using DNA Parentage Assignment and Mass Spawning. *Frontiers in Veterinary Science* 7.

<https://doi.org/10.3389/fvets.2020.579840>

Toro, M.A., Fernández, J., Caballero, A., 2009. Molecular characterization of breeds and its use in conservation. *Livestock Science, Special Issue: Animal Genetic Resources* 120, 174–195.

<https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.07.003>

Tortereau, F., Moreno, C.R., Tosser-Klopp, G., Servin, B., Raoul, J., 2017. Development of a SNP panel dedicated to parentage assignment in French sheep populations. *BMC Genet.* 18, 50.

<https://doi.org/10.1186/s12863-017-0518-2>

Uengwetwanit, T., Pootakham, W., Nookaew, I., Sonthirod, C., Angthong, P., Sittikankaew, K., Rungrassamee, W., Arayamethakorn, S., Wongsurawat, T., Jenjaroenpun, P., Sangsrakru, D., Leelatanawit, R., Khudet, J., Koehorst, J.J., Schaap, P.J., Martins Dos Santos, V., Tangy, F., Karoonuthaisiri, N., 2021. A chromosome-level assembly of the black tiger shrimp (*Penaeus monodon*) genome facilitates the identification of growth-associated genes. *Mol Ecol Resour* 21, 1620–1640. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13357>

Vallance, M., Queney, G., Soyez, D., Ricci, J.-C., 2006. Mise au point et validation d'un système de marqueurs génétiques pour les perdrix rouges hybrides (ONCFS Rapport scientifique 2006).

Vandeputte, M., 2012. An accurate formula to calculate exclusion power of marker sets in parentage assignment. *Genet Sel Evol* 44, 36. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-44-36>

Vandeputte, M., Bestin, A., Fauchet, L., Allamellou, J.-M., Bosc, S., Menchi, O., Haffray, P., 2021. Can we identify wild-born salmon from parentage assignment data? A case study in the Garonne-Dordogne rivers salmon restoration programme in France. *Aquat. Living Resour.* 34, 7.

<https://doi.org/10.1051/alr/2021008>

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

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

Villanueva, B., Verspoor, E., Visscher, P.M., 2002. Parental assignment in fish using microsatellite genetic markers with finite numbers of parents and offspring. *Animal Genetics* 33, 33–41.

<https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.2002.00804.x>

Yan, X., Nie, H., Huo, Z., Ding, J., Li, Z., Yan, L., Jiang, L., Mu, Z., Wang, H., Meng, X., Chen, P., Zhou, M., Rbbani, Md.G., Liu, G., Li, D., 2019. Clam Genome Sequence Clarifies the Molecular Basis of Its



Benthic Adaptation and Extraordinary Shell Color Diversity. *iScience* 19, 1225–1237.
<https://doi.org/10.1016/j.isci.2019.08.049>

3-3-6 Acquisition des connaissances

Chez la crevette bleue, les premières étapes du transfert du panel d'assignation designé à partir de la population de crevette bleue de Nouvelle-Calédonie pour une utilisation sur la population polynésienne ont permis de vérifier la conservation et la variabilité de la majorité des marqueurs malgré 50 années de divergence génétique entre les deux populations.

Concernant l'assignation de parenté, l'outil d'assignation a été amélioré et validé sur des truites triploïdes. Ces développements sont d'ores et déjà à même d'être réutilisés pour l'assignation d'individus triploïdes d'autres espèces, et seront à continuer pour permettre l'assignation d'individus de plus haut niveau de polyploïdie (tels que les esturgeons, octoploïdes). Chez le turbot, les canards pékin et barbarie, et la poule, les panels développés ont été validés et sont disponibles.

Sur les aspects conservation de la diversité, les analyses réalisées par le SYSAAF dans le programme Chimères ont permis de vérifier au niveau génomique le succès de l'utilisation des PGC.



3-4 Création d'outils de génotypage haut débit spécifiques, et sélection des populations avicoles, aquacoles et entomocoles

(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 génotypage sont devenues envisageables en espèces avicoles et aquacoles. Le SYSAAF a pour objectif, par le moyen de R&D interne et de projets de recherche, de proposer à ses adhérents la meilleure utilisation possible de la génomique dans leurs populations. Un objectif est l'optimisation des coûts de la sélection génomique, en particulier en espèces aquacoles chez la truite (SG-Truite) et chez la daurade (AqualImpact). L'objectif d'optimisation de la sélection passe également par une bonne compréhension du déterminisme génétique des caractères (estimation d'héritabilité pour déterminer si le caractère est sélectionnable, recherche de QTL pour optimiser les modèles d'indexation génomique). Les espèces concernées par ce type de travaux sont la truite sur la résistance à l'IPN (SG-Truite), la résistance aux stress environnementaux (HypoTemp), et la composition en acides gras (Omega-Truite), le bar sur la résistance aux pathogènes (PerformFish, MedMAX), et la daurade sur l'efficacité alimentaire (AqualImpact). La mise en œuvre de la sélection (qu'elle soit classique ou génomique) doit aboutir à une évolution du niveau génétique de la population, se répercutant sur les phénotypes des animaux. Les projets AqualImpact et MedMax ont entre autres pour objectif de vérifier de façon empirique le progrès génétique réalisé chez la truite et chez le bar. L'optimisation de la sélection via le passage à une sélection génomique est l'étude chez l'huitre creuse (Quality-Huitre), et la faisabilité de la sélection phénotypique est en cours d'investigation chez la truite, la daurade et l'huitre (Phénomix). Dans ce contexte, des travaux de R&D interne sont également réalisés au sein de la Transversalité Développements Génomique et de la Transversalité Evaluation Génétique, afin de faire évoluer les outils de traitement des données qui sont ensuite utilisés pour les traitements de routine, mais également dans des contextes R&D. Pour les espèces entomocoles nouvellement traitées au SYSAAF, le 1^{er} enjeu est de mettre en place des schémas de sélection adaptés aux contraintes et aux atouts biologiques de ces nouvelles espèces (mise en place des schémas BSF).

Pour certaines de ces espèces traitées au SYSAAF, les outils de génotypage à haut-débit ne sont pas disponibles, ou bien leur densité n'est pas adaptée pour une utilisation en routine. Certaines espèces sont dépourvues de génomes de référence. L'une des missions du SYSAAF est de permettre aux adhérents de disposer de ces outils (génomes assemblés, puces), aujourd'hui indispensables pour une mise en œuvre en routine de la sélection génomique. Le SYSAAF est impliqué dans des projets visant à obtenir de l'information sur les génomes en espèces aquacoles (AQUA-FAANG) et avicoles (SeqOccin – poule et caille). Plus spécifiquement, deux projets sont dédiés aux esturgeons qui ne disposent pas de génome de référence ni d'outils de génotypage (SiberSex, SSTURGEON). Chez d'autres espèces aquacoles et avicoles, des outils de génotypage haut débit sont disponibles, mais ces outils pourraient être optimisés en réduisant le nombre de marqueurs, et en changeant de technologie (d'Axiom vers AgriSeq). Chez la truite, si les animaux élevés à l'étage de la sélection sont diploïdes, les animaux de production sont eux triploïdes. Le programme HypoTemp vise à caractériser les corrélations génétiques entre ces individus, ce qui nécessitera d'adapter les outils de traitement pour l'analyse de génotypes triploïdes analysés sur des outils de génotypages prévus pour des individus diploïdes. Chez la mouche du soldat noire, les outils génomiques sont encore inexistant, alors qu'ils pourraient accélérer et améliorer le gain génétique des programmes de sélection en gagnant en précision. Pour remédier à cela, un projet de détection / identification des SNP hautes densités à l'aide de données de séquençage de pools d'ADN a été initié, afin de pouvoir ensuite concevoir des puces de haute, moyenne et basse densité. Du séquençage est également prévu dans le programme YNFABRE afin de développer des ressources génomiques pour le ténébrion.



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

3-4-2 État de l'art

a - Optimisation de la sélection

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

Pour plusieurs espèces, les programmes de recherche SG-Truite et GeneSea ont permis de démontrer l'intérêt de la sélection génomique sur plusieurs caractères (truite, bar, daurade). La prochaine étape sera l'optimisation du coût du programme de sélection (nombre d'individus phénotypés et/ou génotypés) par rapport au gain de précision attendu grâce à la génomique. Pour d'autres espèces aquacoles comme l'huître creuse ou les esturgeons, l'intérêt de la sélection génomique reste à valider. Pour *Hermetia illucens* (mouche soldat noire), aucune tentative d'amélioration génétique n'a jamais été réalisée car cette espèce présente de nombreux défis qui rendent tout schéma de sélection difficile



à mettre en œuvre. La part génétique comparée à la part des conditions d'élevage sur l'expression de caractères d'intérêt économique est encore mal comprise. Pourtant, des méthodes expérimentales et statistiques existent afin de pouvoir discerner l'influence de ces deux effets. Parmi ces méthodes, la technique des lignées isofemelles (David et al., 2005) pourrait être adaptée pour le cas particulier de la mouche soldat noire.

b - Connaissance du génome et création de ressources et d'outils génomiques

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 maturation sexuelle plus tardive (femelles de salmonidés), ou un produit de valeur spécifique chez un seul sexe (caviar d'esturgeon). Chez les salmonidés, des géniteurs génétiquement femelles mais phénotypiquement mâles sont obtenus par masculinisation aux androgènes de femelles. Ces animaux appelés néo-mâles (mâles XX), reproduits avec des femelles « normales » (femelles XX), permettent d'obtenir des populations monosexes femelles. Par ailleurs, les données publiées (Feist et al., 1995) (Okada et al., 1979) (Tsumura et al., 1991) et les observations en pisciculture démontrent qu'il est possible d'influencer le sexe phénotypique chez la truite indépendamment du système génétique XX/XY, en combinant facteurs génétiques et/ou environnementaux. En particulier, les résultats indiquent globalement un effet masculinisant de températures élevées (18°C) autour de l'éclosion et de la résorption de la vésicule vitelline qui pourrait être exploité pour la production de néomâles sans hormone chez la truite. Cependant, l'utilisation d'animaux ayant une propension élevée à la masculinisation risque à terme de favoriser l'apparition d'animaux masculinisés dans leurs descendance élevées à température standard. Il est donc nécessaire d'évaluer ce risque et de se doter d'outils permettant de le gérer, à l'aide de mesures techniques (contrôle de l'environnement) ou de mesures de gestion génétique particulières, par exemple en privilégiant l'utilisation d'animaux à forte



thermosensibilité pour produire les néomâles. Disposer de marqueurs génétiques associés à la thermosensibilité serait donc un outil particulièrement intéressant dans cette perspective. Dans d'autres espèces, comme 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.

Chez la perdrix rouge, la connaissance de marqueurs du sexe permettrait d'éviter les erreurs de sexage précoce qui sont dues à la forte ressemblance phénotypique entre les mâles et les femelles. A notre connaissance, il n'existe pas de test génétique permettant un déterminisme précoce du sexe chez cette espèce.

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

a - Optimisation de la sélection

Chez les espèces aquacoles, les références citées précédemment présentent des résultats obtenus dans des populations composées de familles de pleins-frères (un mâle accouplé avec une femelle). Dans les populations aquacoles gérées au SYSAAF, les croisements factoriels génèrent de très grandes familles de demi-frères, et cette structure familiale permet l'obtention de valeurs génétiques précises même si l'individu évalué a très peu de pleins-frères (Haffray et al., 2018). Cette différence majeure de structuration familiale nécessite donc de vérifier l'apport d'évaluations génomiques pour les populations des sélectionneurs du SYSAAF concernées : truite, bar, daurade, huître creuse. Une fois l'intérêt de la sélection génomique vérifié, l'étape suivante est l'optimisation des coûts. 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. A cette fin, l'imputation a montré de bons résultats chez plusieurs espèces terrestres et de premières études chez les salmonidés montraient des résultats encourageants pour l'imputation en aquaculture. L'imputation est l'utilisation simultanée d'individus génotypes en puce MD (généralement les parents) et d'animaux en LD (généralement les descendants) pour pouvoir imputer les marqueurs manquants des animaux génotypés en LD en MD afin de travailler avec des individus imputés donc comme-ci ils étaient génotypés en MD.

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 (Yañez 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.

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

b - Connaissance du génome et création de ressources et d'outils génomiques

Chez les espèces avicoles, les techniques de séquençage actuelles ne permettent pas d'accéder à la totalité des chromosomes de ces espèces : en particulier, quelques micro-chromosomes restent



absents des génomes de référence, bien que visibles sur les caryotypes. Il y a donc là un verrou à lever pour avoir accès à la totalité du génome de ces espèces. Quelle que soit l'espèce considérée, un génome de référence est d'autant plus intéressant s'il est richement annoté : un enjeu de la R&D est donc aussi la mise en commun entre équipes des informations acquises dans différents programmes sur les génomes, pour recouper les résultats obtenus, les valider et aller jusqu'à leur utilisation dans les schémas de sélection. Pour la mise en œuvre d'évaluations génomiques chez, l'esturgeon russe *A. gueldenstaedtii* et l'esturgeon sibérien *A. baerii*, le développement de puces de génotypage haute ou moyenne densité est un prérequis. A noter que chez l'esturgeon, le séquençage et l'assemblage du génome est nécessaire pour la cartographie des régions intervenant dans le déterminisme sexuel de cette espèce. Le caractère octoploïde du génome de l'esturgeon constitue un verrou technologique supplémentaire qu'il faudra lever. Chez la truite, le génotypage d'animaux triploïdes pourrait présenter un intérêt pour la prise en compte de leurs performances en sélection, mais une adaptation des outils est nécessaire au préalable, car les génotypes analysés proviennent habituellement d'individus diploïdes.

c - Génomique et production sexée

Chez la truite, l'utilisation de la température pour la génération de néomâles à partir de femelles constitue une opportunité car cette technique permettrait de s'affranchir de l'utilisation d'hormones sur les reproducteurs. Les premières études n'avaient pas montré d'effet de la température, quelle que soit la durée d'expositions à la température, confirmant le rôle déterminant du système génétique XX-XY. Cependant, des travaux plus récents ont montré un effet des températures élevées (18°C) pouvant conduire à des déviations significatives du sex-ratio dans des familles standard (augmentation ou diminution de la fréquence de mâles selon les populations ; Magherans et al., 2009) ou à une masculinisation marquée de descendances XX porteuses du caractère "mâle" (Valdivia et al., 2014). La sensibilité à la température dépend donc du fond génétique et serait de plus héritable (Magerhans and Hörstgen-Schwark, 2010). Cependant, aucune étude ne permet d'évaluer les corrélations éventuelles entre les taux de masculinisation aux différentes températures. En effet, l'étude a été réalisée avec des familles standard dont le sexe-ratio de base (1 :1) et est peu propice à la détection de petites déviations à température normale. Valdivia et coll. ont travaillé avec des familles monosexes femelles porteuses du caractère « male », beaucoup plus propices à la détection de faibles taux de masculinisation mais trop peu nombreuses et possédant un fond génétique particulier, ce qui ne permet pas de généraliser les résultats obtenus. On ne sait donc pas s'il existe chez la truite des facteurs spécifiques de la sensibilité à la température conduisant à des fréquences élevées de masculinisation uniquement à température élevée. L'existence de facteurs de ce type serait favorable en pratique, car elle permettrait de combiner un fort taux de masculinisation à température élevée (pour produire les néomâles) sans augmenter notablement le risque de masculinisation dans leurs descendances élevées à température normale.

Chez l'esturgeon, le caractère octoploïde du génome augmente la complexité de la recherche de régions déterminant le sexe, et un verrou à lever sera l'identification fiable de marqueurs SNP pouvant servir de base pour rechercher une association entre le sexe et les génotypes aux marqueurs.

Chez la perdrix rouge, un verrou à lever sera l'absence de génome de référence : les marqueurs à notre disposition pourront être alignés avec les génomes de référence d'autres espèces avicoles mieux connues, mais sans garantie de succès quant à l'identification de marqueurs positionnés sur les chromosomes sexuels.

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

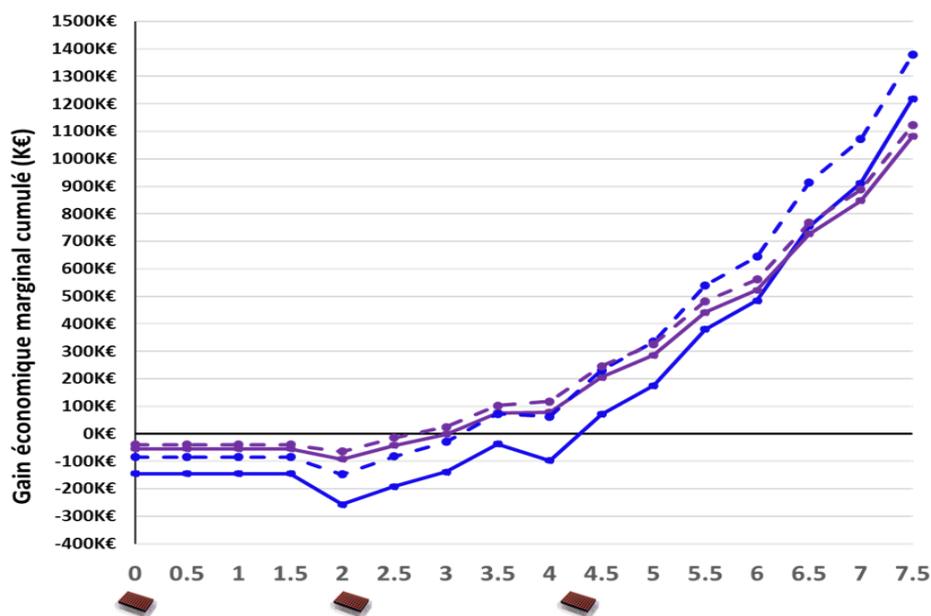
a - Optimisation de la sélection

3-4-4-1 Optimisation des coûts de l'utilisation des outils génomiques dans les schémas

Dans le cadre de la prolongation du projet SG-Truite sur l'intérêt de l'optimisation de la sélection génomique chez la Truite arc-en-ciel, des travaux supplémentaires ont été effectués pour valider



l'intérêt économique de la sélection génomique et la possibilité de réduire les coûts avec utilisation de puce LD (low-density) et l'imputation. Une étude économique simplifiée a été réalisée à partir des résultats obtenus précédemment dans le projet pour estimer le progrès génétique théorique attendue pour un caractère de reproduction (nombre d'œufs) et un caractère de découpe (poids éviscéré et étêté ajusté par le poids) dans 2 entreprises différentes. Ensuite, une estimation du gain économique marginal liée à la sélection est calculée à partir de la recette liée au progrès génétique théorique attendue et des dépenses liées à la mise en place d'une sélection génomique ou sur pedigree. Les différents paramètres (nombre d'animaux, prix de vente ...) ont été obtenus auprès des entreprises pour refléter au mieux le marché, et différents prix d'outils génomiques ont été simulés pour étudier leur impact sur la mise en œuvre de la sélection génomique. La figure III.4.1 montre l'étude sur le caractère de reproduction avec la vente d'œuf, on observe un coût plus important au départ de la



sélection génomique par rapport à une sélection sur pedigree, liée au prix de la puce plus important. Mais après 2 générations, l'investissement sur la sélection génomique par rapport à une sélection sur pedigree semble plus rentable, ceci est lié au progrès génétique plus important et qu'il s'accumule entre les générations. On peut aussi voir que si les prix baissent (pour la sélection sur pedigree et/ou génomique), la sélection génomique semble plus rentable.

Figure III.4.1 : gain économique marginal lié à la mise en place d'une sélection sur pedigree (en bleu) ou génomique (en violet) sur 3 générations de sélections dans le temps (en années) pour un caractère de reproduction et la vente d'œuf. Les lignes pleines représentent un scénario avec des prix plus importants (10€ pour une assignation et 40€ pour génotypage en MD par individus), les lignes en pointillé représentent un scénario avec des prix plus faibles (5€ pour une assignation et 20€ pour génotypage en MD par individus).

Cette figure montre l'étude sur le caractère de production avec la vente de filet, on retrouve les mêmes conclusions que sur l'exemple précédent. Ici, les sélection pedigree et génomique sont rentabilisés plus rapidement car le produit final est vendu plus tôt et correspond à un nombre d'individus plus l'important vendus par rapport à l'exemple précédant. La sélection génomique a un coût plus important qu'une sélection sur pedigree, mais celui-ci est compensé par un progrès génétique plus important par génération. La rapidité du bénéfice lié à la sélection dépend du caractère, de la précision de la sélection, du marché et du nombre d'individus bénéficiant du progrès génétique. Des scénarios avec des puces LD (10K et 3K) ont été aussi étudiés, montrant un intérêt plus important qu'une sélection sur pedigree, mais similaire ou moins intéressant qu'une sélection génomique MD. Ceci s'explique par la perte de précision possible entre puce MD et puce LD, qui a pour conséquence un progrès génétique un peu moins important.

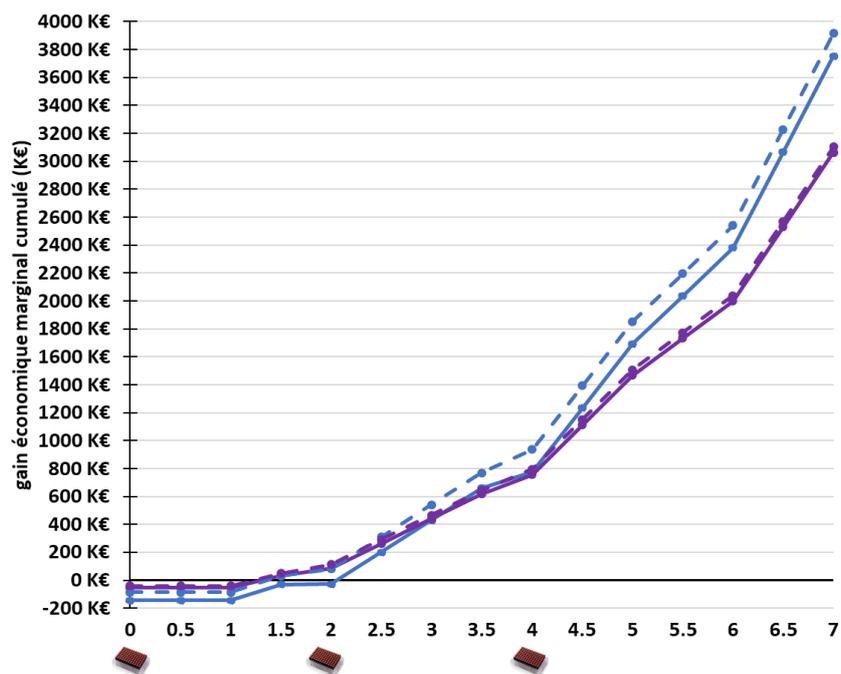


Figure III.4.2 : Gain économique marginal cumulé sur 90 mois d'une sélection sur pedigree en bleu (BLUP) ou génomique et gain économique marginal lié à la mise en place d'une sélection sur pedigree (en bleu) ou génomique (en violet) sur 3 générations de sélections dans le temps (en années) pour un caractère de production et la vente de carcasse. Les lignes pleines représentent un scénario avec des prix plus importants (10€ pour une assignation et 40€ pour génotypage en MD par individus), les lignes en pointillé représentent un scénario avec des prix plus faibles (5€ pour une assignation et 20€ pour génotypage en MD par individus).

Nous avons donc poursuivi ce projet de recherche par l'étude de l'utilisation de puce LD et l'imputation pour pouvoir réduire les coûts de la sélection génomique, mais en restant aussi précis ou proches d'une sélection génomique avec une puce MD (tâche 4.2 SG-Truite). Pour cette étude, nous avons étudié différents scénarios d'imputations et de tailles de puces (400, 600, 800, 1000 marqueurs) pour l'une des entreprises sur 2 générations. Nous avons estimé un déséquilibre de liaison important entre les marqueurs dans nos populations chez la truite précédemment dans le projet permettant potentiellement une imputation de bonne qualité avec peu de marqueurs. Les résultats montrent qu'il est possible d'obtenir une très bonne imputation avec seulement 800 à 1000 marqueurs. Les puces simulées fonctionnent dans les deux générations différentes (résultats répétables dans le temps). L'imputation était meilleure avec l'accumulation des données (c.-à-d., avoir les parents et grands-parents en MD). La Figure III.4.13 compare la précision de la sélection entre une sélection sur pedigree, une sélection génomique avec une puce MD ou LD+imputation pour le caractère du poids éviscéré et étêté. On peut voir sur la figure qu'une sélection avec des puces LD avec l'imputation permet d'obtenir des précisions proches d'une sélection génomique avec l'outil MD. Lors des résultats précédant la précision de la sélection génomique avec une puce 1K sans imputation était de 0,56 pour le même caractère montrant l'intérêt de l'utilisation de l'imputation pour améliorer la précision. On peut observer aussi (Figure III.4.13), que l'augmentation de la qualité de l'imputation avec l'utilisation des parents et grands-parents (barres orange) permet d'obtenir une meilleure précision.

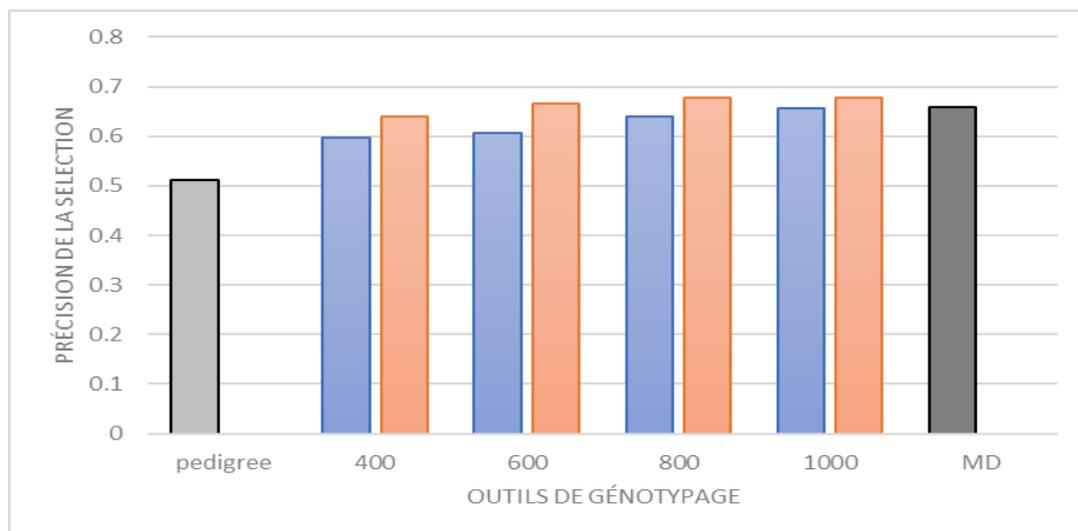


Figure III.4.13 : Précision de la sélection en fonction de l'outil de génotypages pour le caractère poids éviscéré et étêté pour la génération 10. Les barres oranges et bleues représentent les scénarios avec l'utilisation d'une puce LD avec de l'imputation (bleu : à l'aide des parents en MD, orange : à l'aide des parents et des grands-parents en MD).

Dans le cadre du projet AqualImpact, des travaux d'optimisation de la sélection génomique ont été réalisés. L'objectif était d'évaluer la précision de la sélection pour différents caractères en pedigree, puce MD et pour différentes puces LD (100, 300, 500, 700, 1 000, 3 000, 5 000, 10 000, 20 000) avec ou sans imputation en MD. Les premiers travaux ont été menés sur la daurade avec 919 individus génotypés et phénotypés et leurs parents (85) génotypés en MD. La création des puces LD ont été effectuées par un choix de marqueur aléatoirement, avec 10 répétitions par tailles de puce. La réalisation de l'imputation a été effectué à l'aide des parents en MD. Les premiers résultats montrent une qualité de l'imputation plutôt faible (Figure III.4.14) par rapport aux résultats obtenus chez la truite (cf. projet SG-Truite). Ceci peut être expliqué par différents paramètres comme l'espèce, la structuration du génome, l'outil de génotypage, la structuration de la population. En effet, une étude sur le déséquilibre de liaison entre les marqueurs adjacents de la puce MD montre un r^2 plus faible que ceux obtenus chez la truite malgré le fait que les marqueurs soient plus proches. Ceci rend l'imputation plus compliquée, il faut augmenter le nombre de marqueurs ou le nombre d'individus génotypés en MD pour améliorer l'imputation. Dans ces conditions, l'imputation ne présente pas d'intérêt pour optimiser la sélection de cette population.

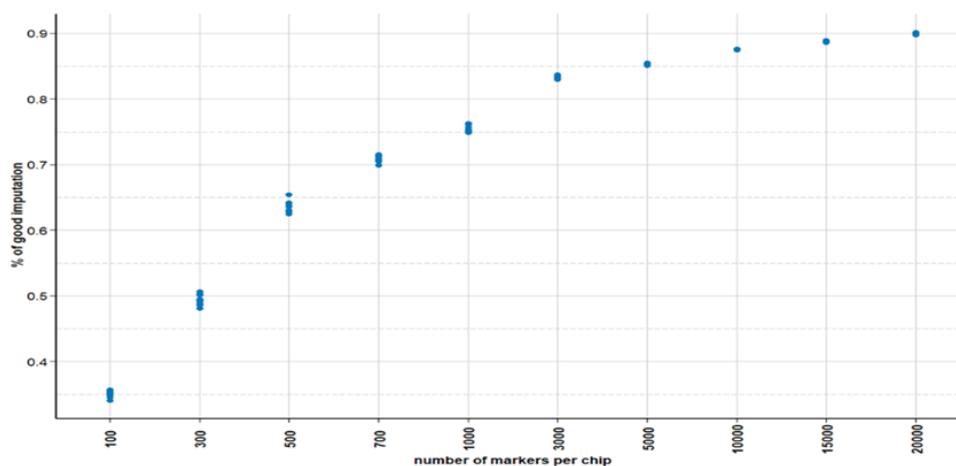
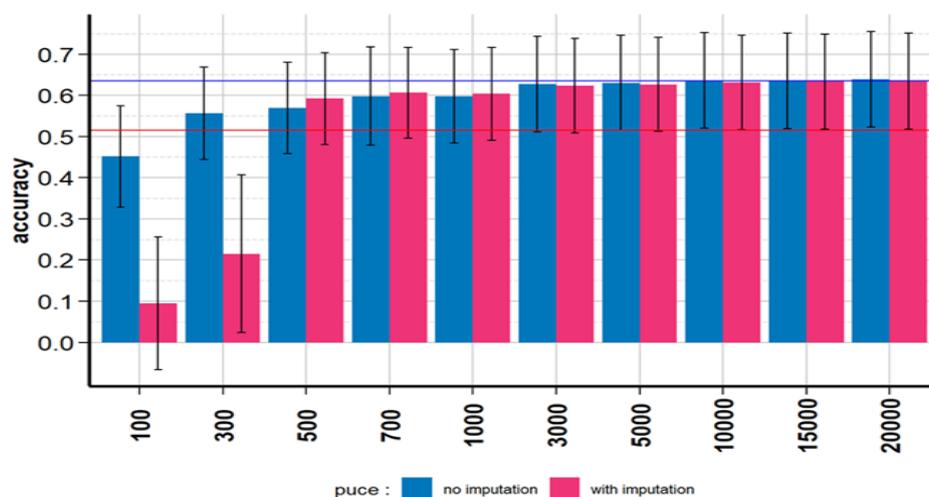


Figure III.4.14 : Qualité de l'imputation (corrélation entre les génotypes imputés et vrais) pour les différentes tailles de puce (10 répliqua par puce) pour la daurade.

Sur la Figure III.4.15, nous avons la précision de la sélection génomique pour les puces LD avec ou sans imputation pour le caractère du poids du filet corrigé par le poids total. L'imputation a un impact faible



(voir un impact négatif pour la puce 100 et 400 marqueurs) sur la précision de la sélection, qui s'explique par une qualité de l'imputation pas assez performante. Nous observons avec 3 000 marqueurs sans imputation une précision assez proche de celle obtenue avec la puce MD. Il serait donc envisageable d'utiliser une puce LD avec 3 000 marqueurs sans imputation pour réduire les couts, et



l'imputation n'est pas actuellement intéressante. Nous observons un résultat similaire pour le caractère du poids et du poids éviscéré et étété corrigé par le poids. Des travaux similaires seront effectués chez le bar en 2022.

Figure III.4.15 : Précision de la sélection pour le caractère poids du filet corrigé par le poids en fonction de l'outil de génotypage. Les barres bleues représentent la précision avec des puces LD sans imputation et les barres roses représentent la précision des mêmes puces LD avec l'utilisation de l'imputation avec les parents génotypés en MD. La ligne horizontale rouge représente la précision moyenne en sélection sur pedigree et la ligne bleue la précision moyenne avec une puce MD.

3-4-4-2 Etude du déterminisme génétique des caractères et compréhension de leur architecture génétique pour l'optimisation des modèles

Dans le programme SG-Truite, un autre aspect étudié était l'architecture génétique de la résistance à l'IPN. Lors de la réalisation de la tâche 5.2 durant la thèse CIFRE, les résultats sur l'architecture de la résistance à IPN (infectious pancreatic necrosis virus) avaient montré des résultats non concluants et non exploitables liés au taux de mortalité élevé (54% au sixième jour et 98% à la fin du challenge). L'architecture génétique de cette résistance a été étudiée avec l'analyse des données des deux générations successives à celle utilisée au cours de la thèse avec donc 3777 animaux génotypés (avec la puce 57K) et phénotypés supplémentaires. La mortalité lors de ces nouveaux challenges réalisés à la plateforme FORTIOR Genetic était de 39 et 22% pour la génération 8 et 9 respectivement. L'étude des GWAS (étude d'association pangénomique) pour la résistance à l'IPN montre différentes zones du génome associé à la résistance (QTL). La *Figure III.4.16* ci-dessous montre l'association entre les marqueurs de la puce et le phénotype mort/vivant. Trois QTLs identifiés dans l'étude sont déjà connus dans d'autres populations (sur les chromosomes 1 et 16) dont deux sont brevetés aux USA (chromosome 1).

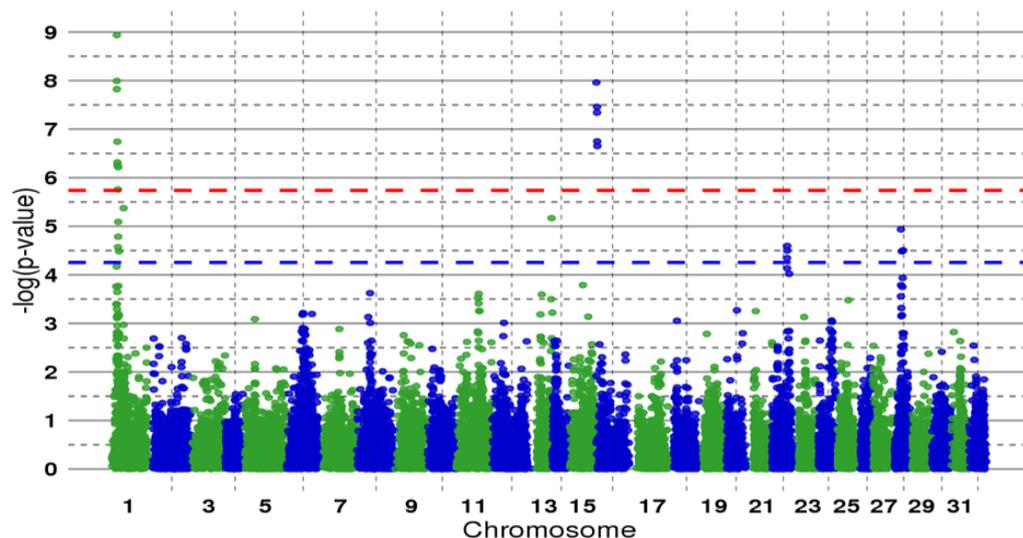


Figure III.4.16 : GWAS sur le statut mort/vivant sur l'ensemble du génome avec les données des générations 8 et 9. Les lignes horizontales montrent une association significative avec les marqueurs au-dessus des lignes au phénotype.

Ces QTLs expliquent une faible part de la variance génétique, mais montrent un effet important entre le marqueur et le phénotype. En effet, nous pouvons voir ci-dessous (Figure III.4.17) l'effet du génotype (Q allèle favorable, q allèle défavorable) pour les QTLs sur le chromosome 1 (par ex. : Q_1Q_1) ou sur le chromosome 16 (Q_2Q_2) pour les deux générations (génération 8 en vert et génération 9 en bleu) et la barre horizontale représente le pourcentage de survie pour le challenge. Nous observons que l'accumulation des allèles favorables (Q) permet un gain de survie. Par exemple, pour le QTL 16, le taux de survie est seulement de 70 quand les individus sont q_2q_2 alors qu'il est de 86% quand les individus sont Q_2Q_2 soit un gain relatif de survie de 32%. Nous avons montré aussi un effet cumulatif entre ces deux QTLs. Ces résultats ont fait l'objet d'une présentation sur poster lors du congrès de EAS à Madère en 2021.

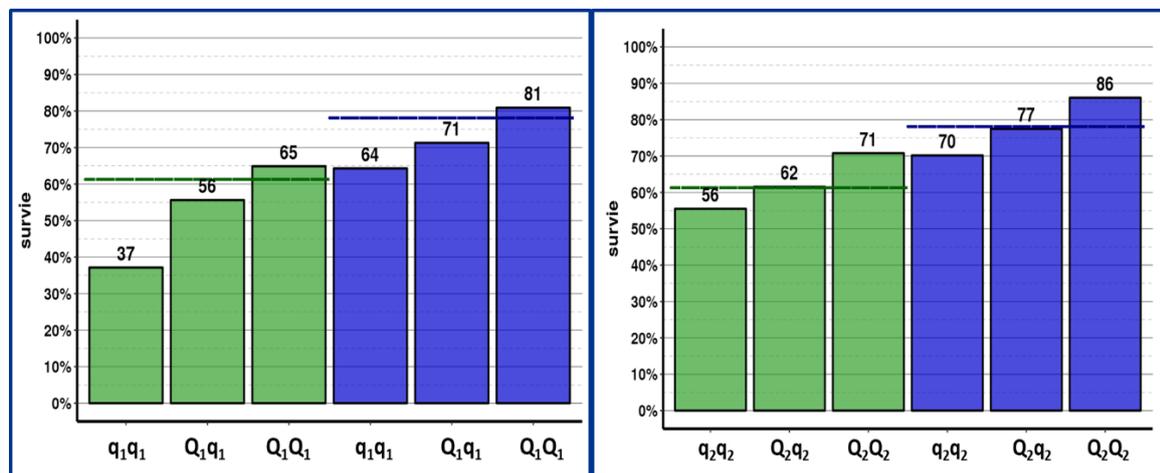


Figure III.4.17 : Pourcentage de survie des individus en fonction de leur génotypage pour le QTL sur le chromosome 1 (à droite) et pour le chromosome 16 (à gauche) pour les deux générations (vert : génération 8, bleu : génération 9). L'allèle favorable est représenté par Q et l'allèle défavorable par q. Les barres horizontales représentent la survie moyenne du challenge.

Dans PerformFish, la base génétique de la résistance à *V. harveyi* lorsque les poissons étaient nourris avec un aliment enrichi en ingrédient végétal a été étudiée. Pour cela, environ 1200 poissons ont subi un challenge *V. harveyi* à la plateforme de challenge "Fortior Genetics". Après injection bactérienne, la mortalité des poissons a été suivie. Finalement, 942 poissons de ce challenge ont été génotypés. Les résultats ont montré que la résistance à *V. harveyi* lorsque les poissons étaient nourris



avec un aliment végétal était très proche de la base génétique de la résistance à la même bactérie quand les poissons étaient nourris avec un aliment classique. La corrélation génomique entre les deux résistances était de 0.88. Cela signifie donc que la sélection pour améliorer la survie à *V. harveyi* ne perdra pas en efficacité si les conditions d'alimentation des poissons diffèrent entre le noyau de sélection et les élevages de production.

Dans AqualImpact, en 2019, les familles de daurade ont été produites par l'entreprise FMD. Le phénotypage et le génotypage de ces poissons a été décalé au 1^{er} semestre 2021 à cause de la situation sanitaire (Covid-19). Les données acquises permettront d'analyser grâce à l'apport de la génomique des interactions génotype-environnement (GxE) entre cage (Grèce) et bassin (Oléron) et de prédire la composition en acides gras de la chair. La base génétique de l'efficacité alimentaire a été étudiée en 2021, et les gains de sélection apportés par la génomique ont été estimés. Tout d'abord, l'analyse de GWAS réalisée sur les paramètres d'efficacité alimentaire individuelle n'a pas mis en évidence de zones du génome significativement liées aux performances d'efficacité alimentaire (*Figure III.4.188*). Cela confirme le caractère très polygénique de l'efficacité alimentaire. Ensuite, nous avons réalisé une analyse de validation croisée pour évaluer la précision des prédictions génomique (avec les données de génotypes de la puce 57k) et des prédictions génétiques (seulement basées sur le pedigree). Les résultats nous ont montrés que la génomique améliorerait fortement la précision de prédiction avec un gain de 35%. Avec génomique la précision de sélection était de 0.53 contre 0.42 seulement avec le pedigree (*Figure III.4.19*).

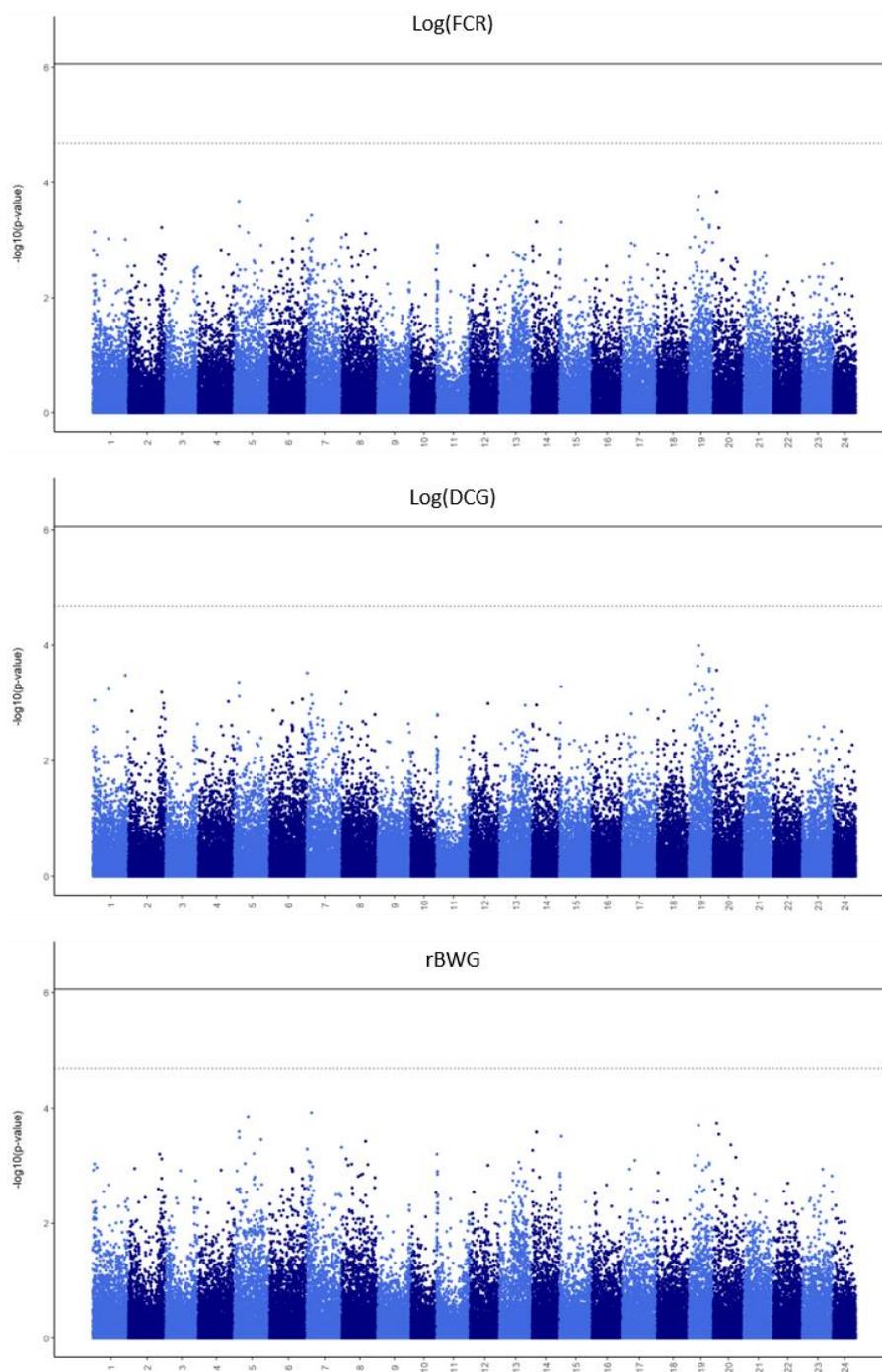


Figure III.4.18 : Manhatten plot des $-\log_{10}(p\text{-value})$ obtenues par GWAS pour les caractères d'efficacité alimentaire $\log(\text{FCR})$, $\log(\text{DCG})$ and $r\text{BWG}$ (de haut en bas).

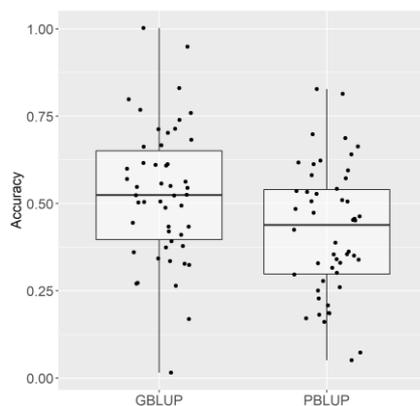


Figure III.4.19 : Boite à moustache des précisions de prédiction des modèles génomique (GBLUP) et pedigree (PBLUP) obtenues par 50 itérations de validation croisée.

Dans HypoTemp, l'ensemble des animaux phénotypés pour la résistance à un stress aigu de température et la résistance à l'hypoxie ont été génotypés avec la puce moyenne densité (57K Axiom™ Trout Genotyping array). Leurs parents ont été génotypés avec une puce haute densité (665K Axiom™ Trout HD Genotyping array). Après le contrôle de qualité, il reste 1297 individus challengés avec 29 091 SNPs analysés et 188 parents avec 418925 SNPs analysés. L'héritabilité à la résistance à un stress d'hypoxie est de 0,24 avec un effet maternel identifié (0,10). L'architecture du caractère est très polygénique (sans QTL à effet majeur), mais quelques QTLs sont identifiés notamment sur le chromosome 31 (Figure III.4.20). L'analyse GWAS avec uniquement 30K (non imputé) et 420K (avec imputation) permet d'identifier de nouvelle zone et être plus précis dans la localisation des zones d'intérêts.

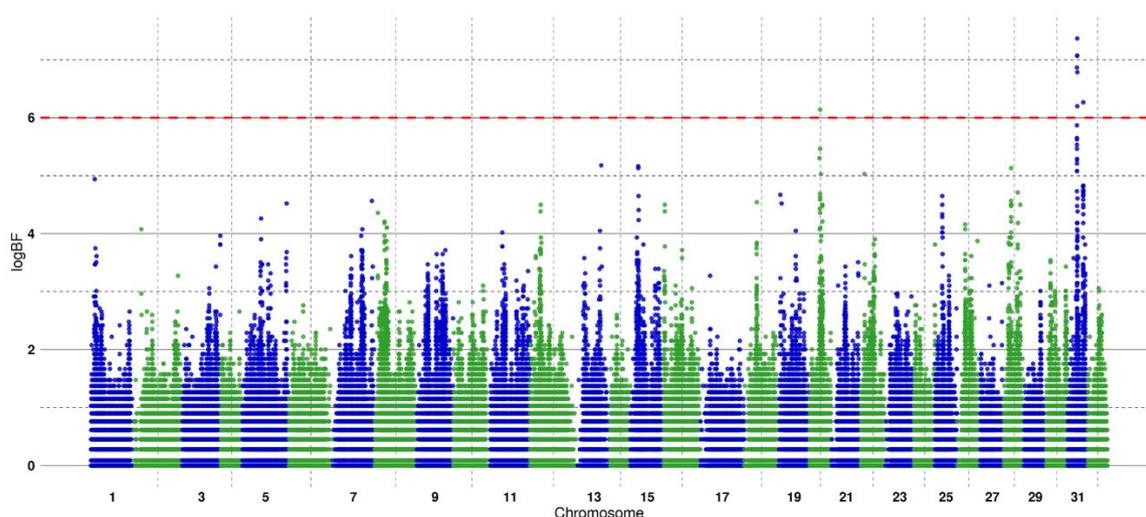


Figure III.4.20 : GWAS sur la résistance à un stress d'hypoxie sur 418 925 SNPs avec l'utilisation de l'imputation entre les individus challengés et leur parent en HD.

Le projet montre aussi très forte corrélation génétique entre les animaux diploïdes et triploïdes (0.71 à 0.95).

Dans le programme MedMax, le croisement permettant de créer les deux lot RES (résistant) et SENS (sensible) a été réalisé en juin 2021 à l'Écloserie Marine de Gravelines. Les deux lots ont été élevés et maintenus séparés à l'écloserie. Les challenges pathologiques de résistance au VNN et de résistance à *V. harveyi* seront réalisés en 2022.

Les 100 pères ayant contribué à la production de la cohorte phénotypée dans le cadre du projet Oméga-Truite ont été envoyés à séquencer en fin d'année 2021. Ces données doivent permettre d'affiner la recherche de QTL réalisée au cours du projet sur la composition en acides gras. L'amélioration de la précision d'identification des zones du génome impliquées dans l'expression d'un



caractère pourrait aboutir à une possible utilisation de la variabilité au marqueurs identifiés pour le choix des individus en sélection et/ou en production.

Réponse à la sélection

Pour les bars prévus dans Aqualmpact, des poissons issus d'un croisement de mâles sélectionnés de l'Écloserie Marine de Gravelines avec des femelles non-sélectionnées de l'Ifremer ont été envoyés en élevage à l'Université de Las Palmas (ULPGC, Espagne). Les performances d'élevage de ces poissons sont actuellement comparées avec celles de poissons issus de parents non-sélectionnés. Cependant, des suites de la situation sanitaire, l'expérimentation a pris du retard et les résultats nous seront communiqués courant 2022 par nos partenaires de l'ULPGC.

3-4-4-3 Amélioration de l'efficacité de la sélection : sélection génomique, sélection phénotypique

Dans Quality-Huitre, en 2021, un doctorant en thèse CIFRE, co-encadré avec l'Ifremer pour leur expertise en génomique des mollusques depuis 2019 a continué de produire les résultats présentés ici (fig III.4.21). Le principal résultat concerne une estimation du déséquilibre de liaison entre les SNP de l'outil génomique utilisé. Ce déséquilibre de liaison est particulièrement faible en comparaison des autres espèces. Cet état de fait implique donc une possible plus grande difficulté à détecter des associations entre marqueurs et phénotypes. Les études de type GWAS sur l'huitre creuse risquent donc d'être plus complexes. De plus, les SNP étant plus indépendants qu'à l'accoutumé, cela risque de se traduire par un nombre de marqueurs requis plus élevé que dans d'autres espèces pour atteindre une précision de sélection génomique élevée.

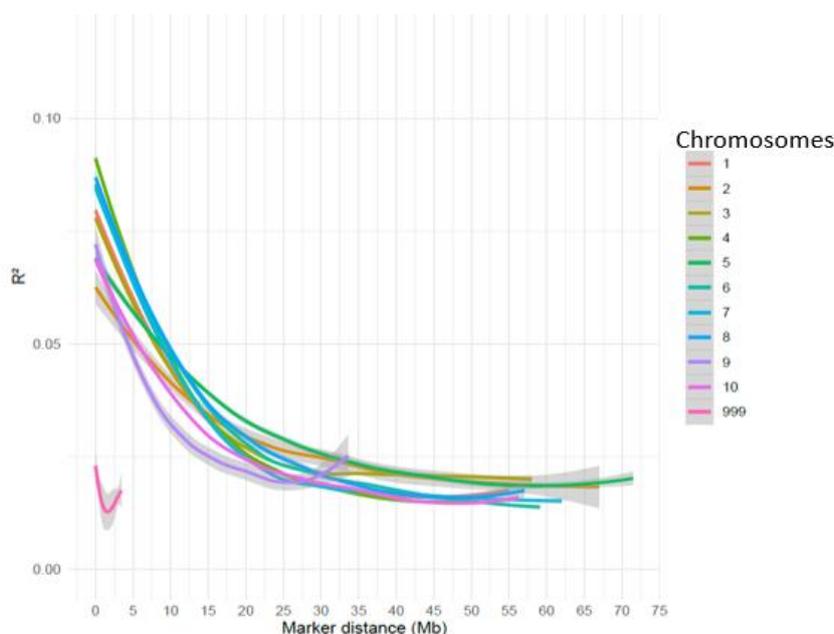


Figure III.4.21 : Déséquilibre de liaison estimé entre SNP sur la puce Huitre

Dans le programme Phénomix, les analyses ont commencé sur le jeu de données de truites déjà disponible. Les spectres Raman de truites ont été soumis à différentes combinaisons de prétraitements, et à l'issue de chaque prétraitement, l'héritabilité le long des spectres a été estimée. La Figure III.4.12 montre un exemple de spectre Raman du projet (spectre médian), ainsi que l'héritabilité des nombres d'ondes le long du spectre. Il a été observé quel que soient les prétraitements utilisés que l'héritabilité était faible le long des spectres était proche de 0, sauf localement pour certains nombres d'ondes où l'héritabilité peut atteindre 0,28. Deux fenêtres d'acquisition étaient disponibles, et les prétraitements ont été appliqués intra-fenêtre, et en concaténant les deux fenêtres. Une combinaison de prétraitement a été retenue pour passer ensuite au calcul de la matrice de ressemblance phénotypique, matrice qui sera ensuite utilisée pour la réalisation d'une évaluation phénotypique, à comparer à des évaluations classiques et génomiques sur



des caractères de production et de composition en acide gras, via des validations croisées. Ces analyses sont en cours et seront présentées dans le dossier 2022.

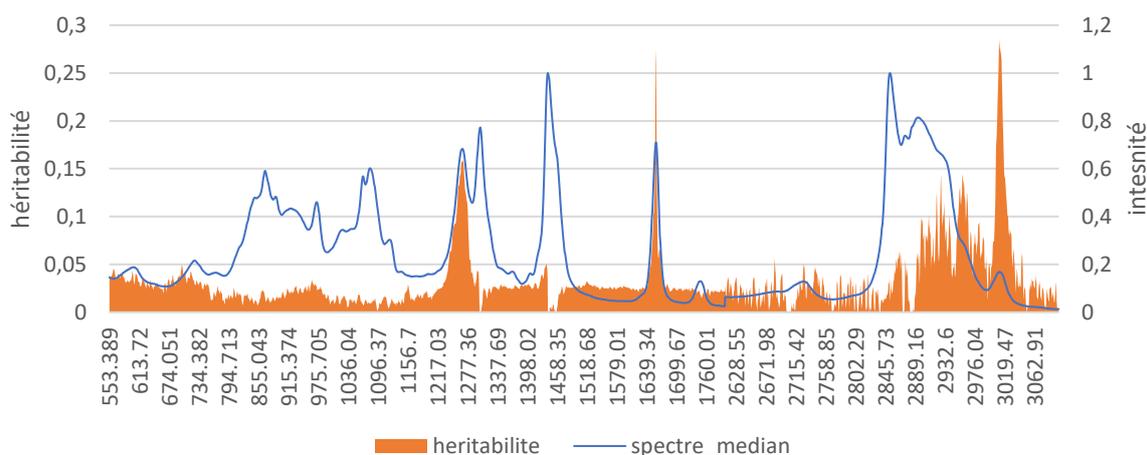


Figure III.4.12 : Exemple de spectre médian et d'héritabilité estimée le long des spectres Raman acquis sur une génération de truite

Les résultats de sélection génomique obtenus dans les programmes de recherche en cours conduisent à la réalisation des évaluations génomiques en routine dans les programmes de sélection. Les évaluations génomiques mises en œuvre au SYSAAF nécessitent un pipeline d'analyse dédié qui permet *via* différents scripts et logiciels de mettre en forme les données de génotypage, de les filtrer sur leur qualité, et d'imputer les données manquantes. Dans le cadre de la Transversalité Développements Génomiques, des travaux de R&D interne ont été poursuivis en 2021 afin d'automatiser la chaîne de traitement. Des comparaisons ont été effectuées entre lancement manuel et automatisé des différentes étapes de la chaîne, sur des données poule pondeuse. Les étapes de préparation des génotypes, depuis leur extraction à partir de fichiers bruts de fluorescence envoyés par le laboratoire de génotypage jusqu'à leur utilisation par les logiciels de traitements génétiques après filtres de marqueurs et d'individus, ont été automatisées pour le traitement de données chez la truite et l'huitre. Ces développements se poursuivront en 2022 afin de généraliser ces actions aux spécificités des génomes des autres espèces traitées au SYSAAF. Un pipeline d'analyse pour réaliser une première GWAS a été effectué pour faciliter l'accès à la réalisation d'une GWAS pour les entreprises sur leurs données. Celle-ci permet une première réalisation rapide pour voir si une étude approfondie sur le caractère pour caractériser l'architecture, si le modèle d'évaluation peut être amélioré par des QTLs ou bien si une multiplication par sélection sur QTL est possible.

3-4-4-4 Mise en place de schémas de sélection pour de nouvelles espèces

Au cours de l'année 2021, toutes les activités de sélection qui ont été menées sur la mouche soldat noire (BSF), auprès des trois adhérents BSF, ont porté sur la sélection généalogique qui est un mode de sélection combinant à la fois la sélection familiale et la sélection sur ascendance. Coupler ces deux méthodes de sélection permet de renforcer le modèle de sélection, car un individu est non seulement évalué à partir des performances de ses collatéraux (frères et sœurs) mais également sur les performances de ses ancêtres. Pour certains de nos adhérents entomocoles, les travaux menés cette année sont encore préliminaires pour la mise en place d'un schéma de sélection généalogique. Un protocole expérimental a été proposé, avec pour objectif de décorrélérer la part de variation phénotypique d'origine génétique à travers deux groupes de populations : isogroupes (mélange d'individus d'origine génétique différente) et isofamilles (mélange d'individus d'origine génétique commune). Si une base génétique existe et est responsable de l'expression phénotypique d'un caractère donné, alors la variance des performances entre isofamilles doit être supérieure à la variance des caractères entre isogroupes. Les résultats de ces expérimentations viendront en 2022. Pour d'autres adhérents qui ont déjà réussi l'étape d'expérimentation précédente, nous avons



travaillé sur le développement et la mise en place d'un schéma de sélection généalogique. Les résultats de ces schémas étant confidentiels, ils ne feront pas l'objet de présentation ici.

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. Des prélèvements ont été réalisés en 2021 à cette fin : 12 poules ont été inséminées, et leurs œufs ont été collectés sur une semaine de ponte, et les poules prélevées en sang. Les échantillons ont été envoyés au partenaire INRAE GenPhySE pour incubation et conservation des échantillons. En 2022, une seconde campagne de prélèvement est prévue sur ces mêmes poules afin d'étudier l'effet de l'âge sur leur méthylome et sur celui de leurs embryons.

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. Les travaux de séquençage et génotypage effectués par les partenaires du projet avancent. Une équipe anglaise a notamment confirmé la présence d'un QTL de résistance au VNN, qui avait été identifié il y a deux ans par le SYSAAF, l'Ifremer et l'INRAE.

Dans le projet Siber'Sex (*A. baerii*), une femelle de l'adhérent Sturgeon a été séquencée avec une couverture en long-reads ONT importante (entre 50 et 100X), puis séquencée avec une couverture en short read 10x genomics. En complément, cette femelle et ses parents ont été séquencés en short reads (2x150bp) et une banque Hi-C a été construite pour l'intégration en chromosomes (l'idée est de procéder à une approche de trio binning afin de reconstituer les haplotypes mâle et femelle). Ont également été réalisés un run de PoolSex (20 mâles et 20 femelles d'origine russe), et 24 individus (12 mâles et 12 femelles de l'adhérent L'esturgeonnière) ont été séquencés en génome individuel short-reads à faible couverture. L'assemblage du génome de cette espèce représente un défi particulier car la dernière duplication complète du génome de l'esturgeon pose problème pour l'assemblage : l'assembleur collapse cette dernière duplication qui n'a pas donné lieu à suffisamment de divergence en termes de séquence pour être séparée lors de l'assemblage. Pour pallier à cette difficulté, une nouvelle technologie de séquençage est envisagée : la HiFi PacBio peut générer des fragments longs et exempts d'erreurs (au contraire des autres technologies long-reads qui font entre 15 et 20 % d'erreurs). Le séquençage génomique et l'assemblage consécutif du génome d'*A. baerii* était toujours en cours en 2021, avec une nouvelle approche de séquençage complémentaire envisagée : BioNano. Dans le cadre du projet S'STURGEON, le génome d'*A. gueldenstaedtii* est aussi en cours de séquençage sur une femelle de chez Sturgeon. Quatre runs de séquençage HIFI sur les 10 qui devraient permettre de réaliser un assemblage de novo ont été réalisés (chaque run ne produit que 10 Gb de lectures corrigées et il faut au minimum une couverture de 20X). Sont également prévus le séquençage en 10X genomics et le re-séquencage individuel de 30 à 40 individus pour l'analyse du polymorphisme, ainsi que du RNA-Seq pour l'annotation du génome. Les résultats de ces deux projets sur l'esturgeon mèneront au design d'une puce esturgeon bi-espèces en 2022, pour tester la sélection génomique chez les adhérents du SYSAAF.

L'arrivée de nouvelles technologies de génotypage a bousculé les projets de développement de nouveaux outils de génotypage. Les technologies de génotypage par séquençage ciblé, ayant bénéficié de la baisse des prix des technologies de séquençage, sont devenues très compétitives. Des panels GBS (technologie AgriSeq) ont donc commencé à être développés. Des partenariats avec Thermo-Fischer ont donc été commencés pour développer des panels basse densité, en vue d'imputation (1000 à 3000 marqueurs) à partir des données de puce génomique (truite, bar, daurade).

Le projet HypoTemp a débuté en mars 2020, pour une durée prévue de 3 ans. En 2020, le SYSAAF avait entamé des tests du package déjà existant Fitpoly.R, développé par ThermoFisher, en vue d'obtenir,



pour chaque échantillon triploïde et pour chaque marqueur SNP, le génotype au format AAA, AAB, ABB, BBB. Ce package, s'il a pu être validé en 2021 pour l'étape d'assignation de parenté, n'a toutefois pas permis d'obtenir des génotypes complets pour chaque SNP, car il génère un certain nombre d'erreurs lors de l'étape de clustering. L'obtention de génotypes triploïdes validés sur l'ensemble des marqueurs de la puce de génotypage n'est donc, à l'heure actuelle, pas possible et nécessite un travail supplémentaire, qui sera mener en 2022, de bio-informatique permettant d'améliorer et de valider cette étape de clustering.

Toujours dans HypoTemp, une puce haute densité 665K a été développée pour la truite. Une première utilisation de cette puce dans le cadre d'une GWAS a été décrite dans la partie b) de ce rapport. Le projet met en évidence l'intérêt de la puce HD pour combler les zones non couvertes par la puce MD et avec une couverture beaucoup plus dense et homogène le long du génome (13).

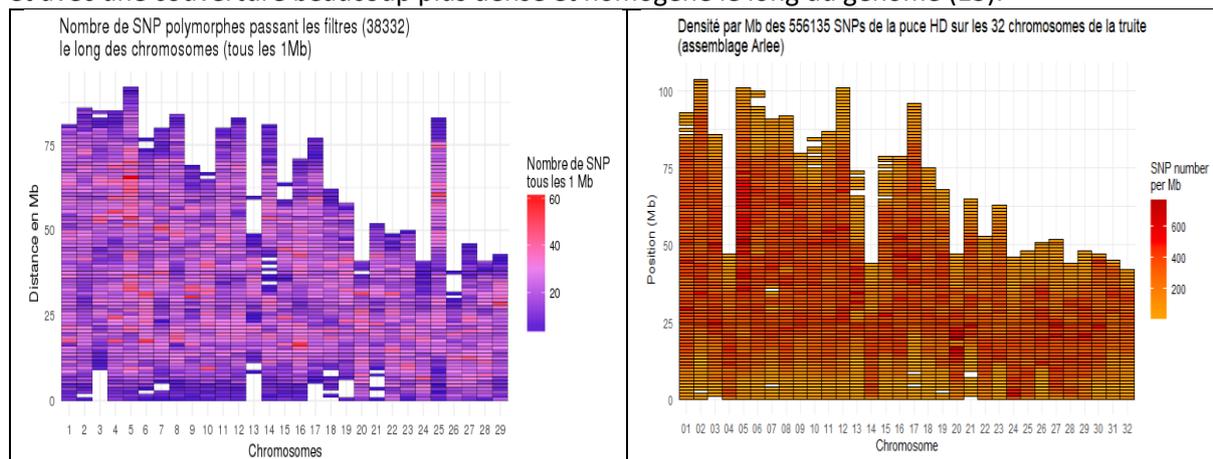


Figure III.4.13 : Densité de marqueur par 1Mb pour la puce MD (à gauche) et pour la puce HD (à droite) en fonction du chromosome (abscisses) et le long du chromosome (ordonnée). La couleur représente la densité.

Chez la mouche soldat noire, des ressources génomiques ont été développées par le SYSAAF e associant deux adhérents. La préparation de bibliothèques d'ADN groupées a été effectuée en utilisant plusieurs populations de BSF provenant des entreprises de sélection Innovafeed et Agronutris qui participent à ce projet. Les pools de bibliothèques générés ont été séquencés sur la plateforme Illumina en 2x150bp et les séquences ont été attribuées aux échantillons sur la base de leur séquence index. Plus de 300 millions de Paired-End reads (43X de profondeur de séquençage) ont été obtenus en moyenne par pool ; et ont été analysées avec le pipeline GATK (Genome Analysis Toolkit - DePristo et al., 2011) en utilisant le dernier génome (≈ 1 Gb) de référence de très haute qualité produit sur la mouche soldat noire (Generalovic et al., 2021). A l'issue des analyses bio-informatiques, 64 millions de variants (SNP, insertions, délétions, ...) dont 52 millions de SNP ont été détectés. (Figure III.4.).

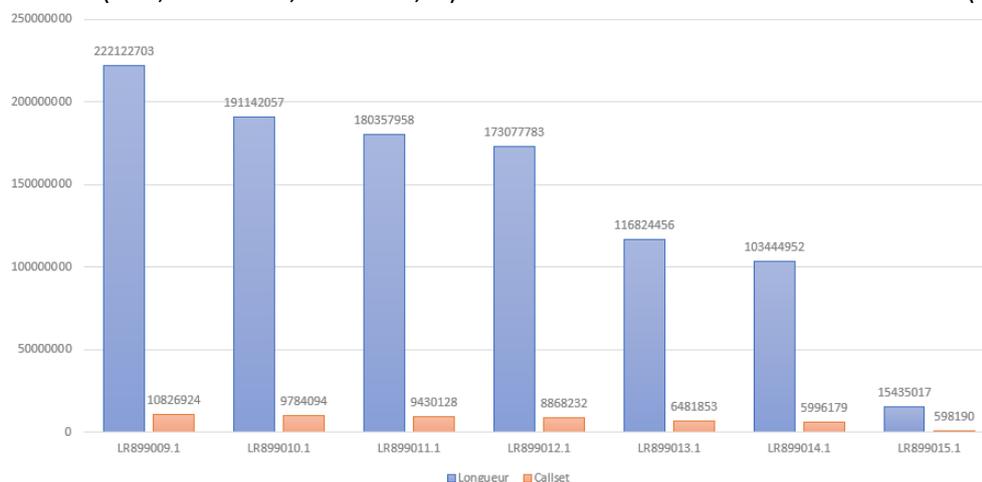


Figure III.4.14 : Distribution des SNP identifiés en comparaison à la taille de chaque chromosome du génome de référence de la mouche soldat noire.



A partir de ces données, des filtres basés sur la qualité, la fréquence des allèles mineurs (MAF), la couverture du génome (profondeur) et les sites non informatifs ont été utilisés pour obtenir un ensemble final de 9,7 millions de SNP de haute qualité qui pourront être utilisés ultérieurement pour développer la première puce de génotypage pour la BSF (Figure III.4.).

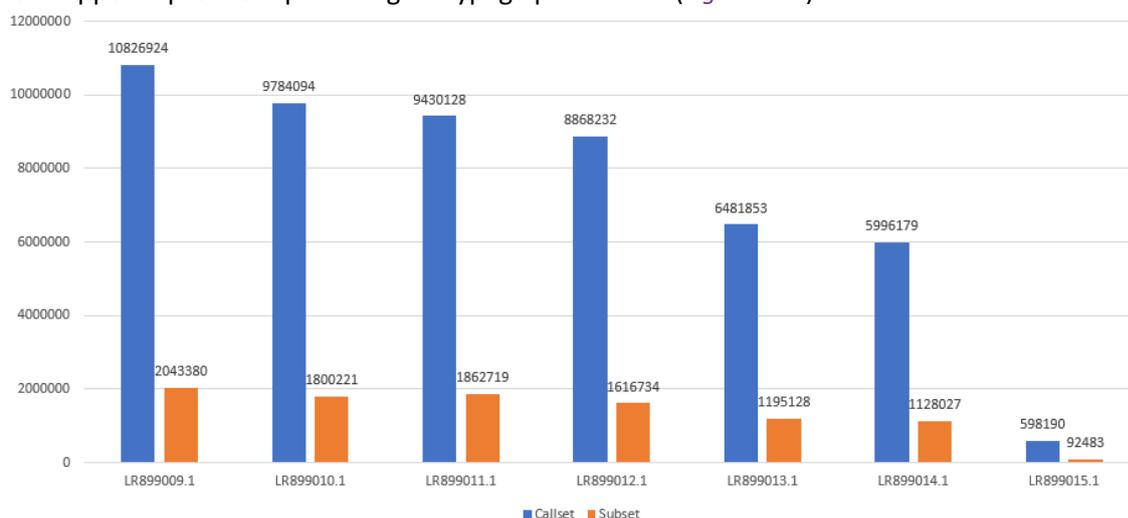


Figure III.4.15: Distribution des SNP sélectionnés en comparaison à ceux identifiés en Figure III.4.

Ces SNP validés fournissent une base importante pour le développement de marqueurs intéressants pour les futurs programmes de sélection assistée par marqueurs chez la mouche soldat noire. Ces travaux ont fait l'objet d'une communication affichée lors de la conférence de génomique environnementale qui s'est déroulée à Tours du 27 au 29 octobre 2021.

Le projet ŸnFABRE (La FABrique de REproducteurs d'ŸNSECT) est un programme dans lequel le SYSAAF intervient en tant que prestataire pour son adhérent ŸNSECT. Il est structuré en 3 "WorkPackage" et le SYSAAF intervient partiellement le WP1 et principalement dans le WP3. L'objectif est de fixer des priorités sur la sélection, l'amélioration génomique et la multiplication des meilleurs insectes bio-convertisseurs. L'ambition est de produire des souches résistantes et performantes de vers de farine (*Tenebrio molitor*) en développant des outils, des méthodes et des structures sur mesure inspirés des dernières technologies de pointe. Le projet a démarré le 1^{er} octobre 2021 avec l'exécution des tâches du WP1 (Génotypes et Modèles).

c - Génomique et production sexée

Le projet NéoBio soutenu par le FEAMP et coordonné par l'INRA en partenariat avec le SYSAAF et l'entreprise de sélection « les Fils de Charles Murgat » visait à évaluer le taux de masculinisation spontané des femelles de truites et à identifier d'éventuels marqueurs QTL de cette aptitude. La méthodologie, les résultats obtenus ainsi que les conclusions de ce projet sont consultables dans le rapport scientifique et technique final rédigé au cours du 1^{er} semestre 2021.

Dans le cadre du partenariat avec le SYSAAF et l'INRAE pour les projets Siber'Sex et S'STURGEON, les adhérents Sturgeon et L'Esturgeonnière ont été sollicités pour fournir des échantillons biologiques d'individus *A. baerii* et *A. gueldenstaedtii* au consortium Européen STURGEoNOMICS (Genome-based approaches for improvement of aquaculture in two marine sturgeon species: Atlantic sturgeon (*Acipenser oxyrinchus*) and Beluga (*Huso huso*)) afin de tester si le marqueur du sexe génomique identifié sur *A. oxyrinchus* et *H. huso* fonctionnerait également sur nos espèces d'intérêt au SYSAAF. Les résultats ont montré que le test génomique du sexe par PCR mettant en évidence la région spécifique du sexe femelle (W) fonctionne pour *A. baerii* et *A. gueldenstaedtii*. L'ensemble de ce travail a été publié dans une revue internationale avec comité de lecture en 2021. De fait, courant 2021, 10 marqueurs associés au W ont été transmis à la plateforme de génotypage Gentyane qui a réalisé quelques tests afin de valider les marqueurs en interne, et ainsi confirmé pouvoir à l'avenir (courant 2022) procéder sur demande à du sexage génétique chez les espèces *baerii* et *gueldenstaedtii*. Et ce dans le but d'obtenir des résultats de sexage précoce des esturgeons (possiblement dès le stade



larvaire), et donc ne plus avoir à élever des mâles jusqu'à l'âge où leur sexage phénotypique est suffisamment fiable (3-4 ans)

Chez la perdrix rouge, dans le programme RufAssign, des marqueurs susceptibles de déterminer le sexe des animaux ont également été inclus pour test dans le panel. Ces marqueurs ont été choisis soit par Blast des séquences des marqueurs de faisan sur le génome de référence *Gallus gallus* (choix de marqueurs s'alignant avec le chromosome sexuel W), soit par transfert dans le panel de marqueurs du sexe connus chez *Gallus gallus*. La pertinence de ces marqueurs sera testée sur des mâles et des femelles qui seront génotypés en 2022.

d – Utilisation de méthodes de modification ciblée du génome

L'ensemble des travaux visant à acquérir des connaissances génomiques et à identifier des gènes pourraient un jour aboutir à l'utilisation de techniques de modification ciblée du génome, autrement appelée techniques d'édition du génome. Ces techniques aujourd'hui ne permettraient pas de commercialisés d'animaux en Europe car ces lignées ainsi créer tomberait sous le coup de la réglementation OGM. Cependant dans le cadre du GIS Avenirs Elevage, deux années de recherche ont été conduites (2020 – 2021) pour évaluer la perception aujourd'hui des différents acteurs de la Société en France (et partiellement en Europe) avec l'objectif d'aboutir à un panorama des positions existantes au sein d'une multitude d'acteurs, de connaître leurs argumentaires et d'établir des stratégies en fonction des positions obtenues. Ce travail a été conduit à l'aide d'entretien (2020 et 2021) et par un travail d'enquête (2021). 48 acteurs français ont au total été interviewés, représentant la sélection, le secteur de la production agricole, la distribution, les associations de consommateurs ou de citoyens, la recherche et les pouvoirs publics.

Ce travail a permis de synthétiser les positions en grandes catégories typologiques et d'identifier les freins ou les leviers pouvant faire évoluer les positionnements dans un avenir proche. Ce sont des éléments indispensables à la conduite d'une réflexion au sein des adhérents du SYSAAF sur l'utilisation ou non de ces technologies et sur la pertinence de travaux de recherche qui accompagneraient cette thématique.

La valorisation et le transfert de ces résultats est toujours en cours mais ils ont en particulier donné lieu à la réalisation d'un séminaire de restitution en décembre 2021, auquel participaient plusieurs adhérents du SYSAAF, à une communication lors des Journées Technique Pondeuses organisées par l'ITAVI en décembre 2021 et lors des Journées Techniques Inter Filières du SYSAAF en octobre.

3-4-5 Indicateurs de R&D : Publication & Communications

a - Publications scientifiques

Blay, C., **Haffray, P., D'Ambrosio, J., Prado, E.**, Dechamp, N., Nazabal, V., Bugeon, J., **Enez, F.**, Causeur, D., **Eklouh-Molinier, C.**, Petit, V., Phocas, F., Corraze, G., Dupont-Nivet, M., 2021. Genetic architecture and genomic selection of fatty acid composition predicted by Raman spectroscopy in rainbow trout. *BMC Genomics* 22, 788. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-08062-7>

Blay, C., **Haffray, P.**, Bugeon, J., **D'Ambrosio, J.**, Dechamp, N., Collewet, G., **Enez, F.**, Petit, V., Cousin, X., Corraze, G., Phocas, F., Dupont-Nivet, M., 2021. Genetic Parameters and Genome-Wide Association Studies of Quality Traits Characterised Using Imaging Technologies in Rainbow Trout, *Oncorhynchus mykiss*. *Frontiers in Genetics* 12. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.639223>

Kuhl, H., Guiguen, Y., Höhne, C., Kreuz, E., Du, K., Klopp, C., Lopez-Roques, C., Yebra-Pimentel, E.S., Ciorpac, M., Gessner, J., Holostenco, D., Kleiner, W., Kohlmann, K., Lamatsch, D.K., Prokopov, D., **Bestin, A.**, Bonpant, E., Debeuf, B., **Haffray, P.**, **Morvezzen, R.**, **Patrice, P.**, Suci, R., Dirks, R., Wuertz, S., Kloas, W., Scharl, M., Stöck, M. 2021. A 180 My-old female-specific genome region in sturgeon reveals the oldest known vertebrate sex determining system with undifferentiated sex chromosomes. *Philosophical Transactions B*. 376 : 20200089.20200089. <https://doi.org/10.1098/rstb.2020.0089>

b - Communications scientifiques

D'Ambrosio, J., Patrice, P., François, Y., Morin, T., Cabon, J., Ruche, J., Desgranges, A., **Haffray, P.**, Phocas, F. Genome-wide association study of infectious pancreatic necrosis in two successive generations of rainbow trout. 2021 EAS, 4-7 octobre, Funchal, Madeira. (Poster)



Donkpegan, A., Guigue, A., Boulanger, F-X., **Brard-Fudulea, S.**, **Haffray, P.**, **Sourdioux M.**, and **Rouger R.** 2021. High-density SNP development in black soldier (*Hermetia illucens* L.) via throughput DNA Pool Sequencing. sciencesconf.org : eags-2021:373268 (Poster)

Prchal, M., Lallias, D., Lagarde, H., **D'Ambrosio, J.**, **Patrice, P.**, **François, Y.**, Poncet, C., Desgranges, A., **Haffray, P.**, Dupont-Nivet, M., Phocas, F. Genome-wide association study of hypoxia stress tolerance in rainbow trout. 2021 EAS, 4-7 octobre, Funchal, Madeira. (Communication orale)

Duclos R., **Sourdioux M.**, « Regards croisés sur les modifications ciblées du génome appliquées aux animaux d'élevage », Séminaire du mardi 16 novembre 2021
c - Thèses soutenues en 2021 (Salariés SYSAAF)

Ronan Griot : Développement d'outils et de méthodes de sélection génomique pour le bar et la daurade. Thèse présentée et soutenue à Paris, le 30 mars 2021.

Marion Charrier : Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement des descendants, sa transmission épigénétiques et ses conséquences adaptatives. Thèse présentée et soutenue le 29 octobre 2021 à l'École Nationale Supérieure de Chimie de Rennes.
d - Thèses CIFRE en cours en 2021 (Salariés SYSAAF)

Antoine Jourdain : Développement de la sélection génomique chez l'huitre creuse *Crassostrea gigas*. Encadré par Jean-Baptiste Lamy (Ifremer), Pierre Boudry (Ifremer), Romain Morvezen (SYSAAF).
e – Rapports scientifiques

Phocas, F., Guiguen, Y., **Bestin, A.**, **Haffray, P.**, Poncet, C., Quillet, E., 2021. Projet NeoBio (01/12/2016 – 31/10/2020) : Bases zootechniques et génétiques pour un contrôle du sexe des reproducteurs de truite par la température
f - Communications internes & vulgarisation

D'Ambrosio, J. 2021. Confirmation de deux zones QTL d'importance pour la résistance à l'IPN dans la lignée de truite sélectionnée par Bretagne Truite. 4èmes Journées Interfilières du SYSAAF, 19 et 20 octobre 2021, Rennes.

D'Ambrosio, J. 2021. Simulation de l'intérêt économique de la sélection génomique sur des caractères de reproduction, de découpe et de qualité chez la truite arc-en-ciel. 4èmes Journées Interfilières du SYSAAF, 19 et 20 octobre 2021, Rennes.

Besson, M. 2021. Sélection génétique de l'efficacité alimentaire chez les poissons. 4èmes Journées Interfilières du SYSAAF, 19 et 20 octobre 2021, Rennes.

Besson, M. 2021. Interaction Génotype – Environnement "GxE" et « Norme de réaction ». 4èmes Journées Interfilières du SYSAAF, 19 et 20 octobre 2021, Rennes.

Duclos, R. 2021. New Breeding Technologies Crispr et élevages. 4èmes Journées Interfilières du SYSAAF, 19 et 20 octobre 2021, Rennes.

3-4-6 Acquisition des connaissances

La réalisation des démarches de recherche évoquées dans ce chapitre permet l'acquisition de connaissances et compétences en génomique pour l'ensemble des salariés en interne, y compris les doctorants CIFRE. L'approche collective au sein du SYSAAF favorise un transfert rapide et facilité des acquis d'une espèce vers une autre espèce. Les mises au point technologiques sont conduites en étroite interaction avec les projets des entreprises de sélection. Cette dynamique leur permet de bénéficier d'une capacité d'innovation permanente et renouvelée adaptée à leurs attentes et à leur capacité d'innovation, destinée à leur permettre de rester concurrentiels sur les marchés mondiaux. Les résultats des programmes portant sur la sélection génomique conduisent à une mise en œuvre directe de la génomique dans les schémas de sélection en raison du gain en précision constaté dans les programmes de R&D. La recherche se poursuit sur cette thématique, avec l'optimisation des schémas en termes de coût et d'efficacité, et le développement d'outils de génotypage adaptés. Les nombreuses GWAS ont permis de préciser l'architecture génétique de caractères d'intérêt. Chez la mouche soldat noire, il a été démontré qu'une amélioration génétique était possible via un schéma de sélection adapté développé *de-novo*. Concernant le sexage génétique, les avancées réalisées dans la compréhension du déterminisme sexuel de l'esturgeon ouvrent la porte à l'utilisation de tests de



sexage génétique en routine chez les éleveurs d'esturgeons pour tendre vers la production de cheptels uniquement composés de femelles.

3-4-7 Références bibliographiques citées pour l'axe 2B

- Banks, R.G., van der Werf, J.H.J., 2009. Economic evaluation of whole genome selection using meat sheep as a case study. <http://www.aaabg.org/livestocklibrary/2009/banks430.pdf>.
- Baroiller, J.F., Guiguen, Y., 2001. Endocrine and environmental aspects of sex differentiation in gonochoristic fish. *EXS* 177–201.
- Brard, S., Ricard, A., 2015. Should we use the single nucleotide polymorphism linked to in genomic evaluation of French trotter? *Journal of Animal Science* 93, 4651. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-9224>
- Chen, C.Y., Misztal, I., Aguilar, I., Tsuruta, S., Meuwissen, T.H.E., Aggrey, S.E., Wing, T., Muir, W.M., 2011. Genome-wide marker-assisted selection combining all pedigree phenotypic information with genotypic data in one step: An example using broiler chickens. *J. Anim. Sci.* 89, 23–28. <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3071>
- David, J.R., Gibert, P., Legout, H., Pétavy, G., Capy, P., Moreteau, B., 2005. Isofemale lines in *Drosophila*: an empirical approach to quantitative trait analysis in natural populations. *Heredity* 94, 3–12. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800562>
- Duchemin, S.I., Colombani, C., Legarra, A., Baloche, G., Larroque, H., Astruc, J.-M., Barillet, F., Robert-Granié, C., Manfredi, E., 2012. Genomic selection in the French Lacaune dairy sheep breed. *J. Dairy Sci.* 95, 2723–2733. <https://doi.org/10.3168/jds.2011-4980>
- Feist, G., Yeoh, C.-G., Fitzpatrick, M.S., Schreck, C.B., 1995. The production of functional sex-reversed male rainbow trout with 17 α -methyltestosterone and 11 β -hydroxyandrostenedione. *Aquaculture* 131, 145–152. [https://doi.org/10.1016/0044-8486\(94\)00336-M](https://doi.org/10.1016/0044-8486(94)00336-M)
- Fraslin, C., Phocas, F., Bestin, A., Charles, M., Bernard, M., Krieg, F., Dechamp, N., Ciobotaru, C., Hozé, C., Petitprez, F., Milhes, M., Lluch, J., Bouchez, O., Poncet, C., Hocdé, P., Haffray, P., Guiguen, Y., Quillet, E., 2020. Genetic determinism of spontaneous masculinisation in XX female rainbow trout: new insights using medium throughput genotyping and whole-genome sequencing. *Scientific Reports* 10, 17693. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-74757-8>
- Gonzalez-Pena, D., Gao, G., Baranski, M., Moen, T., Cleveland, B.M., Kenney, P.B., Vallejo, R.L., Palti, Y., Leeds, T.D., 2016. Genome-Wide Association Study for Identifying Loci that Affect Fillet Yield, Carcass, and Body Weight Traits in Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Front Genet* 7. <https://doi.org/10.3389/fgene.2016.00203>
- Gutierrez, A.P., Turner, F., Gharbi, K., Talbot, R., Lowe, N.R., Peñaloza, C., McCullough, M., Prodöhl, P.A., Bean, T.P., Houston, R.D., 2017. Development of a Medium Density Combined-Species SNP Array for Pacific and European Oysters (*Crassostrea gigas* and *Ostrea edulis*). *G3 (Bethesda)* 7, 2209–2218. <https://doi.org/10.1534/g3.117.041780>
- Haffray, P., Enez, F., Bugeon, J., Chapuis, H., Dupont-Nivet, M., Chatain, B., Vandeputte, M., 2018. Accuracy of BLUP breeding values in a factorial mating design with mixed families and marker-based parentage assignment in rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*. *Aquaculture* 490. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2018.03.003>
- Houston, R.D., Haley, C.S., Hamilton, A., Guy, D.R., Tinch, A.E., Taggart, J.B., McAndrew, B.J., Bishop, S.C., 2008. Major Quantitative Trait Loci Affect Resistance to Infectious Pancreatic Necrosis in Atlantic Salmon (*Salmo salar*). *Genetics* 178, 1109–1115. <https://doi.org/10.1534/genetics.107.082974>
- Kuhn, M., Johnson, K., Kuhn, M., Johnson, K., 2013. Over-Fitting and Model Tuning, in: *Applied Predictive Modeling*. Springer, pp. 61–92. https://doi.org/10.1007/978-1-4614-6849-3_4
- Li, D.F., Lian, L., Qu, L.J., Chen, Y.M., Liu, W.B., Chen, S.R., Zheng, J.X., Xu, G.Y., Yang, N., 2013. A genome-wide SNP scan reveals two loci associated with the chicken resistance to Marek's disease. *Anim. Genet.* 44, 217–222. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02395.x>
- Magerhans, A., Hörstgen-Schwark, G., 2010. Selection experiments to alter the sex ratio in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) by means of temperature treatment. *Aquaculture* 306, 63–67. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2010.05.015>



- Moore, E.C., Roberts, R.B., 2013. Polygenic sex determination. *Curr. Biol.* 23, R510-512. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2013.04.004>
- Nielsen, H.M., Sonesson, A.K., Yazdi, H., Meuwissen, T.H.E., 2009. Comparison of accuracy of genome-wide and BLUP breeding value estimates in sib based aquaculture breeding schemes. *Aquaculture* 289, 259–264. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2009.01.027>
- Odegård, J., Moen, T., Santi, N., Korsvoll, S.A., Kjølglum, S., Meuwissen, T.H.E., 2014. Genomic prediction in an admixed population of Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Front Genet* 5, 402. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00402>
- Okada, H., Matumoto, H., Yamazaki, F., 1979. Functional masculinization of genetic females in rainbow trout. <https://doi.org/10.2331/suisan.45.413>
- Sonesson, A.K., 2007. Within-family marker-assisted selection for aquaculture species. *Genet. Sel. Evol.* 39, 301–317. <https://doi.org/10.1051/gse:2007005>
- Tsai, H.-Y., Hamilton, A., Tinch, A.E., Guy, D.R., Gharbi, K., Stear, M.J., Matika, O., Bishop, S.C., Houston, R.D., 2015. Genome wide association and genomic prediction for growth traits in juvenile farmed Atlantic salmon using a high density SNP array. *BMC Genomics* 16, 969. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-2117-9>
- Tsumura, K., Blann, V.E., Lamont, C.A., 1991. Progeny Test of Masculinized Female Rainbow Trout Having Functional Gonoducts. *The Progressive Fish-Culturist* 53, 45–47. [https://doi.org/10.1577/1548-8640\(1991\)053<0045:PTOMFR>2.3.CO;2](https://doi.org/10.1577/1548-8640(1991)053<0045:PTOMFR>2.3.CO;2)
- Valdivia, K., Jouanno, E., Volff, J.-N., Galiana-Arnoux, D., Guyomard, R., Helary, L., Mourot, B., Fostier, A., Quillet, E., Guiguen, Y., 2014. High Temperature Increases the Masculinization Rate of the All-Female (XX) Rainbow Trout “Mal” Population. *PLOS ONE* 9, e113355. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0113355>
- Vallejo, R.L., Leeds, T.D., Fragomeni, B.O., Gao, G., Hernandez, A.G., Misztal, I., Welch, T.J., Wiens, G.D., Palti, Y., 2016. Evaluation of Genome-Enabled Selection for Bacterial Cold Water Disease Resistance Using Progeny Performance Data in Rainbow Trout: Insights on Genotyping Methods and Genomic Prediction Models. *Front Genet* 7. <https://doi.org/10.3389/fgene.2016.00096>
- Vallejo, R.L., Leeds, T.D., Gao, G., Parsons, J.E., Martin, K.E., Evenhuis, J.P., Fragomeni, B.O., Wiens, G.D., Palti, Y., 2017. Genomic selection models double the accuracy of predicted breeding values for bacterial cold water disease resistance compared to a traditional pedigree-based model in rainbow trout aquaculture. *Genetics Selection Evolution* 49, 17. <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0293-6>
- VanRaden, P.M., Van Tassell, C.P., Wiggans, G.R., Sonstegard, T.S., Schnabel, R.D., Taylor, J.F., Schenkel, F.S., 2009. Invited review: reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. *J. Dairy Sci.* 92, 16–24. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1514>
- Villanueva, B., Fernández, J., García-Cortés, L.A., Varona, L., Daetwyler, H.D., Toro, M.A., 2011. Accuracy of genome-wide evaluation for disease resistance in aquaculture breeding programs. *J. Anim. Sci.* 89, 3433–3442. <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3814>
- Weber, K.L., Thallman, R.M., Keele, J.W., Snelling, W.M., Bennett, G.L., Smith, T.P.L., McDanel, T.G., Allan, M.F., Van Eenennaam, A.L., Kuehn, L.A., 2012. Accuracy of genomic breeding values in multibreed beef cattle populations derived from deregressed breeding values and phenotypes. *J. Anim. Sci.* 90, 4177–4190. <https://doi.org/10.2527/jas.2011-4586>
- Wolc, A., Stricker, C., Arango, J., Settari, P., Fulton, J.E., O’Sullivan, N.P., Preisinger, R., Habier, D., Fernando, R., Garrick, D.J., Lamont, S.J., Dekkers, J.C., 2011. Breeding value prediction for production traits in layer chickens using pedigree or genomic relationships in a reduced animal model. *Genetics Selection Evolution* 43, 5. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-43-5>
- Yáñez, J.M., Houston, R.D., Newman, S., 2014. Genetics and genomics of disease resistance in salmonid species. *Front Genet* 5. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00415>



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

(Thématiques 1 & 2, Objectif opérationnel 5)

3-5-1 Objectifs du projet

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

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

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

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

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

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

A- Evolutions générales des logiciels et de leur environnement

Les logiciels InfAvi et InfAqua sont des applications "métiers" supports indispensables à la réalisation des expérimentations spécifiques de sélection. Non disponibles commercialement, elles sont développées spécifiquement au SYSAAF dans un processus interactif de mutualisation au profit du SYSAAF et de ses adhérents. Les grandes différences entre l'élevage avicole (identification individuelle possible dès l'éclosion, élevage au sol, en cages individuelles ou en cages collectives) et l'élevage aquacole (identification individuelle impossible avant atteinte d'une taille minimale, élevage en bassins successifs ou en lots, génération composée de plusieurs cohortes, etc...) justifient encore à ce jour le besoin d'applications dédiées spécifiquement pour les expérimentations avicoles (InfAvi) ou aquacoles (InfAqua). Le développement des versions finalisées est réalisé en partenariat avec une société de développement informatique, dont les salariés ont une bonne connaissance des concepts de la génétique quantitative et de notre contexte d'expérimentation. Ces logiciels permettent de saisir et



de gérer les données de sélection, en disposant pour cela de bases de données développées sous Access, de programmes de saisie spécifiques et de procédures d'import/export/transmutations de données permettant la réalisation des échanges de données entre les sélectionneurs et le SYSAAF. L'évolution importante des demandes et des techniques conduisent les sélectionneurs à envisager de modifier et surtout complexifier leurs programmes de sélection et la nature des caractères mesurés, prenant par exemple en compte :

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

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

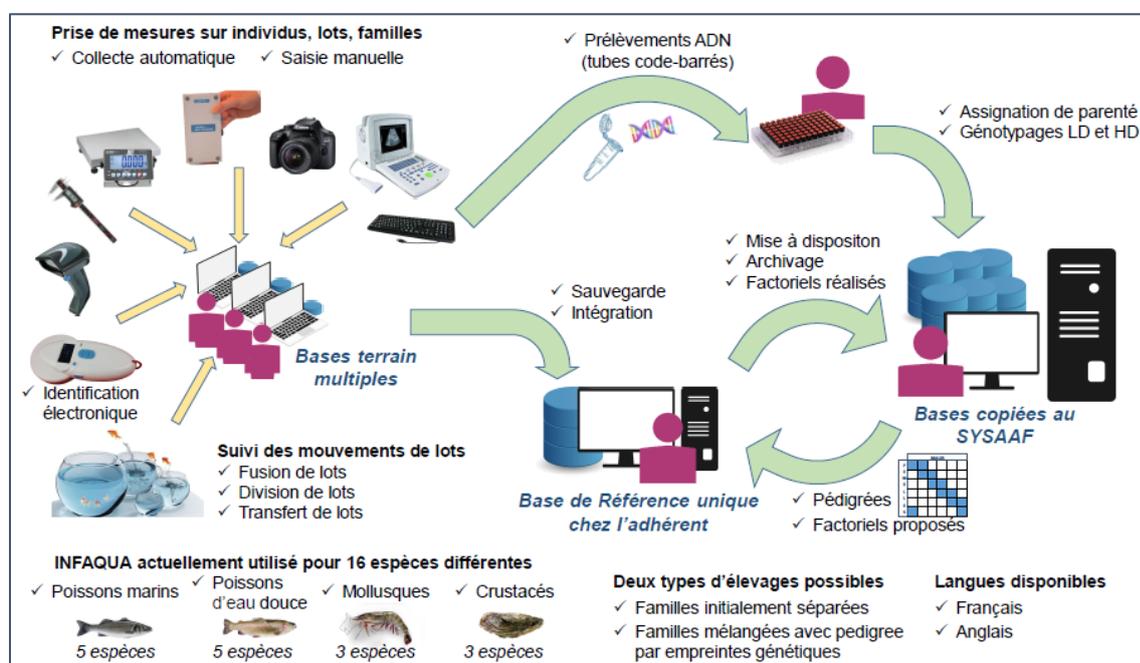


Figure III.5.1 : Représentation schématique d'organisation de l'outil InfAqua

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

- de nouvelles structures d'enregistrement de la généalogie,
- l'enregistrement des données répétées pour tenir compte de l'acquisitions des données de phénotypage « haut débit » enregistrées par des appareils de mesure automatiques 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 et d'aide à la collecte de données.

Le SYSAAF a notamment mené en 2021 le développement d'une plaque de diodes lumineuse, appelée "LedOpunch", pilotée par le logiciel INFAQUA, et permettant d'apporter une aide précieuse à l'utilisateur lors de l'étape de mise en plaque d'échantillons ADN, étape sensible dont la bonne



réalisation conditionne l'intégralité de la traçabilité des échantillons biologiques envoyés au laboratoire d'analyses pour génotypage.

- la connexion de nouveaux appareils de mesures (plaque lumineuse pilotée pour l'aide à la mise en plaque d'échantillons ADN),
- la gestion d'élevages aquacoles en familles séparées, spécifique à certaines espèces (esturgeons, crevettes, et maintenant insectes).
- 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 2021, de nouvelles versions d'InfAvi (V9.9.9 à V10.0.0) et d'InfAqua (V8.075 à V8.078) 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 deux sessions de formation au logiciel InfAqua (3 jours au printemps et 5 jours à l'automne 2021), dispensées par le SYSAAF et ouvertes à tous ses adhérents, ayant permis de former 9 personnes.

B- Version InfAqua V9

Un projet de recherche a été déposé à un appel à projet au titre de la mesure 50.c du FEAMP 2018 Celui-ci a été accepté en 2019. Devant initialement se terminer en 2021, sa date de clôture a été repoussée à fin 2022 afin de mener à bien l'ensemble des développements nécessaires. Il bénéficie d'un financement partiel, correspondant à l'intervention du prestataire. Ce programme a pour objectif une refonte totale avec des développements importants permettant de passer de la version V8 à la V9 du logiciel InfAqua. L'élaboration d'un cahier des charges technique plus détaillée a été conduite en 2019. Très attendu par les utilisateurs (adhérents et collaborateurs du SYSAAF), le passage à cette version 9 doit notamment permettre les éléments suivants :

- une prise en main et une utilisation plus intuitive pour les sélectionneurs, après refonte générale de l'ergonomie,
- une base de données adaptée aux nouvelles données expérimentales de génotypage, en lien avec le passage à la sélection génomique chez certains sélectionneurs,
- le développement et l'intégration de nouveaux modules spécifiques devant répondre à de nouveaux besoins expérimentaux des sélectionneurs aquacoles (module de saisie des challenges pathologiques et environnementaux, module de gestion des stocks de gamètes cryoconservés, module de gestion des reproductions, etc...).
- La mise au point d'une plaque de diodes lumineuse, pilotée par l'outil INFAQUA, devant permettre d'améliorer fortement la traçabilité des échantillons ADN lors de l'étape de mise en plaque.



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

Suite à l'acceptation du projet, les premières phases de développement ont pu débuter au 2nd semestre 2019, avec l'établissement d'un cahier des charges technique dédié au développement d'un module de saisie des challenges pathologiques et environnementaux. L'année 2020 a permis de lancer les développements (en particulier, le module de saisie des challenges pathologiques a été développé, testé, et mis en production en 2020 sur la plateforme FORTIOR du SYSAAF) et d'avancer sur l'interface générale du logiciel, permettant d'assurer une ergonomie optimale de l'outil, indispensable à la bonne collecte des données en particulier lors des gros chantiers de mesure réalisés lors des différents projets de recherche auxquels participe le SYSAAF. L'année 2021 a elle aussi permis d'avancer sur les développements des modules relatifs au suivi des chantiers de reproduction (tris des individus à reproduire proposés par le SYSAAF, constitution facilitée des plans de croisement et bancarisation de ces derniers dans INF AQUA, création des lots produits en sortie facilitée). Ces modules ont été développés et testés en 2021, et feront l'objet d'une mise en production en 2022 directement chez les sélectionneurs adhérant au SYSAAF. Les descriptifs techniques des chantiers d'Histo-pré-tri (permettant de réaliser des histogrammes d'échantillonnage, pour les sélectionneurs travaillant en sélection massale) et de suivi des mouvements de lots ont de plus été réalisés en 2021 et seront développés et testés en 2022. Enfin, l'année 2021 a permis de tester les développements, réalisés en 2020, d'une base de données spécifiques aux données de génotypage en lien avec le passage à la sélection génomique. Ces tests, ainsi que les adaptations associées, ont été réalisés directement sur la chaîne de traitements opérationnelle du SYSAAF. Ils se poursuivront en 2022, afin d'en faire bénéficier l'ensemble des sélectionneurs adhérant au SYSAAF.

L'arrivée des adhérents entomocoles au sein du SYSAAF a également conduit en 2021 à poursuivre les réflexions sur la nécessité de développement d'un outil informatique adapté à la mise en place et au suivi des schémas de sélection en Mouche Soldat Noire. Plusieurs réunions ont donc été menées en 2021 dans la perspective de faire converger les différents outils avicoles et aquacoles, et d'intégrer à ces outils communs les développements spécifiques aux programmes de sélection entomocoles. Une première étude de ces développements spécifiques a été menée, afin d'avancer dans la prise en compte informatique de ces spécificités.

C- InfAvi

L'annonce de l'arrêt de la commercialisation des PDA sous Windows CE a posé le problème de la migration du programme spécifique de saisie des données dans l'environnement Android. L'actuel programme développé dans l'environnement Windows n'est pas compilable sous Android. Pouvoir utiliser le programme sur tablette (le plus souvent sous Android) a également été demandé par plusieurs adhérents. Dans le cadre de la convergence des outils avicoles et aquacoles et l'arrivée des espèces entomocoles, il a donc été décidé en 2021 d'utiliser le nouveau module de saisie en cours de développement pour InfAqua et de l'adapter aux spécificités avicoles. Les outils utilisés rendent en effet possible l'utilisation de ce module sous divers systèmes d'exploitation dont Android. L'objectif est d'arriver à un module commun de saisie avi-aqua-entomo opérationnel en juin 2022. Parallèlement, une étude à plus long terme vise à harmoniser les structures de bases de données InfAvi et InfAqua pour tendre vers une structure unique.

D - Chaîne commune de traitement des données (KOALA)

Comme pour les outils de collecte de données, il n'existe pas d'outil commercialement disponible permettant d'organiser le traitement des données expérimentales (indexation et accouplements raisonnés) et les collaborateurs en charge de ces traitements utilisaient le plus souvent des procédures développées spécifiquement à l'aide de langages tels que R ou SAS, associées à la manipulation de nombreux fichiers. Cette approche empirique était à la fois très chronophage et une source potentielle d'erreurs. Pour y pallier, une chaîne de traitement des données, dénommée "KOALA", commune aux secteurs avicoles et aquacoles a été développée spécifiquement pour les besoins expérimentaux des ingénieurs généticiens du SYSAAF. Cette chaîne intègre un pack logiciel avec une interface commune



communiquant avec les bases de données InfAvi et InfAqua qui diffèrent très sensiblement l'une de l'autre, adossée à une base de données propre à KOALA. KOALA est opérationnel depuis fin 2013 (V1.01), néanmoins de nombreux développements sont intégrés chaque année pour l'adapter aux spécificités des données expérimentales acquises dans le cadre des programmes de recherche et plus globalement chez l'ensemble des adhérents du SYSAAF. Ces développements permettent de répondre à des besoins émergents, mais également d'accroître les fonctionnalités et/ou l'efficacité de cette chaîne permettant de fiabiliser les résultats tout en rationalisant le temps passé à la réalisation de nos activités de recherche. L'élaboration de tels développements nécessitent la mise en œuvre de démarches expérimentales spécifiques d'autres natures.

Concrètement, la chaîne de traitement des données "KOALA" (**V2.11**) permet de préparer les fichiers d'entrée (pedigrees, données brutes et transformées, paramètres génétiques) aux formats spécifiques, nécessaire pour utiliser les différents programmes statistiques d'indexation et d'accouplements raisonnés utilisés au SYSAAF (**Pack OptiVar**). Elle permet également d'y intégrer en retour les paramètres génétiques, les listes de candidats choisis ou les plans d'accouplements résultant de l'utilisation de ces logiciels. La traçabilité sous-jacente des opérations réalisées permet à tout collaborateur de consulter toutes les informations relatives aux différents traitements statistiques réalisés sur les données à chaque génération pour toutes les lignées et dans les expérimentations des programmes de recherche.

Les nouvelles fonctions régulièrement développées sont intégrées dans le soft de la chaîne de traitement par notre prestataire, ou couplées, sans y être intégrées, selon qu'elles affectent ou pas l'architecture globale de la chaîne. Cette possibilité de développement partagé entre une société de services informatiques et les ingénieurs du SYSAAF, permet donc à ces derniers de créer et d'ajouter des actions et des suites d'actions (scénarios) dans KOALA, sans recourir à un intervenant extérieur et donc pallier dans l'urgence à des besoins particuliers.

En 2021, KOALA a connu de nombreuses évolutions destinées à diversifier les outils et les logiciels avec le couplage de multiples scénarii développés en interne après réalisation d'un travail de recherche, l'intégration dans la nouvelle version mise en place (**V 2.11**) d'améliorations dont les principales ont eu pour but :

- Une facilité et rapidité accrue d'exécution des tests statistiques et la création d'outils de visualisation des données expérimentales permettant d'optimiser la fiabilité des traitements statistiques et choix, associé à un meilleur confort d'utilisation,
- La poursuite de l'intégration d'interfaces avec de nouveaux programmes d'évaluation génétique, en particulier la suite logicielle F90 (**remf90, blupf90, thrigibbsf90**),
- La poursuite de l'intégration de la sélection génomique.
- La création automatisée de documents de synthèse sous forme graphique (tableaux, courbes, histogrammes). L'utilisateur peut ensuite choisir tout ou partie des documents générés pour les inclure dans un rapport standardisé,
- Le traitement combiné des données avicoles enregistrées en cages collectives ou au sol ; dans cette configuration, les données issues de cages collectives de pleines sœurs sont traitées en modèle "œuf", chaque donnée mesurée sur un œuf étant considérée comme la donnée d'un individu fictif ou pseudo-individu (l'œuf) dont on connaît les deux parents (le père et la mère des poules d'une même cage). Les données issues d'individus au sol sont traitées en modèle animal classique. Il est ainsi possible de traiter conjointement des données "sol" et "cages collectives" en prenant en compte les individus au sol et les pseudo-individus (œufs) en cages collectives. Ce nouveau modèle a nécessité en 2021 des développements informatiques conséquents. Le traitement est opérationnel mais un travail sur les temps de réponse sera nécessaire en 2022.

E - Chaîne de traitement génomique (KOALA)

L'utilisation des données génomiques dans les analyses génétiques implique la prise en charge d'un type de données nouveau caractérisé par un très grand nombre d'enregistrements par individu. La prise en charge de ces données haut-débit a nécessité dans un premier temps l'adaptation de la base de données KOALA. Une analyse a d'abord été menée en 2018 en collaboration avec une société de



services informatiques afin d'identifier des besoins de développement précis, à l'issue de laquelle un cahier des charges a été rédigé précisant les besoins spécifiques de développement. Après l'implémentation de ces besoins, une phase de test a été engagée. La validation du stockage des données génomiques en base de données KOALA a été finalisée au cours de l'année 2021. Il permet aujourd'hui de répondre aux besoins de stockage de génotypes de l'ensemble des espèces élevées par les adhérents des secteurs avicoles et aquacoles et générés grâce à une grande diversité d'outils et techniques de génotypage.

L'utilisation de ces données de génotypes, prises en charge de manière spécifique dans les logiciels d'analyse génétique, est en cours d'optimisation au sein de la chaîne de traitement. Les actions spécifiques de préparation, contrôle-qualité et formatage des génotypes nécessaires aux traitements génomiques, réalisés jusqu'à présent via des scripts adaptés par les ingénieurs généticiens, sont également en cours d'intégration à KOALA afin de standardiser les opérations pour l'ensemble des adhérents.

F- Nouvelles procédures (KOALA)

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

L'intégration à KOALA de la prise en charge des données de génotype nécessaires aux analyses génomiques a nécessité le développement de nouvelles actions. Ces actions permettent le formatage des génotypes en amont de leur remontée en base de données KOALA, puis leur extraction et leur préparation en vue des analyses génomiques. Ainsi des actions pour la suppression de génotypes, la mise à jour d'identifiants, l'identification de potentiels doublons, le contrôle-qualité ont été mises en place.

G- Optimisation des choix pour des accouplements raisonnés

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

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

La refonte de l'interface n'a pas été possible en 2021 mais va reprendre début 2022.

H - 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).

3-5-4 Acquisition de connaissances

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



commercialisés, permettant aux acteurs français de préserver une image de qualité sur le marché international.



IV - Autres missions et services du SYSAAF

4-1 Référentiel et Audits

Le règlement intérieur du SYSAAF stipule que pour être adhérent chaque sélectionneur avicole doit avoir au moins une lignée conforme au référentiel RefAvi-SYSAAF « Mode de sélection des lignées et de production de reproducteurs parentaux avicoles ». La version du RefAvi-SYSAAF en cours ainsi que son Plan de Contrôle (PDC) est la 20.1.

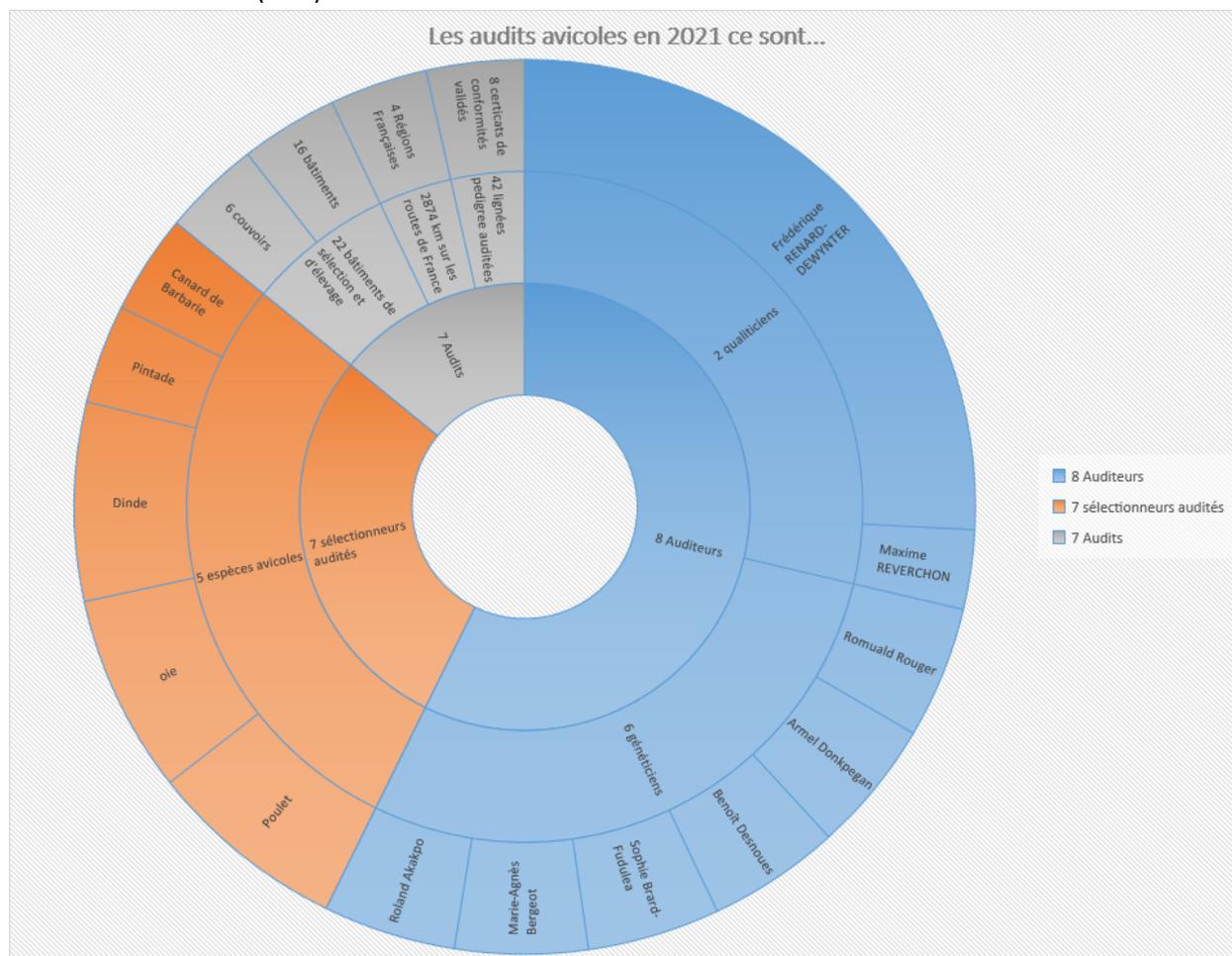


Figure IV.1.1 les audits du SYSAAF en quelques chiffres

Les audits sont répartis à un rythme d'un tous les deux ans. Pour les lignées de volailles Label Rouge en production de chair et d'œufs, celles-ci doivent être certifiées conformes au RefAvi-SYSAAF comme le stipule les Conditions de productions communes en label rouge. L'organisation des audits est définie dans une convention bipartite entre le SYSAAF et le SYNALAF. Le certificat de conformité au référentiel SYSAAF est contrôlé par les Organismes Certificateurs lors de leur audit des couvoirs. Par ailleurs, le respect du RefAvi-SYSAAF est également exigé dans le cadre du cahier des charges de l'AOC Poulet de Bresse, ainsi que dans celui de l'IGP Sud-Ouest du PALSO concernant les productions de palmipèdes gras et de la PRM-A pour les races locales menacées d'abandon pour l'Agriculture.

En 2021, 7 audits ont été réalisés, et se sont déroulés d'avril à novembre 2021. Chaque audit mobilise 2 personnes, un auditeur qualitatif, et un auditeur généticien. Maxime Reverchon est auditeur qualitatif, il réalise au moins 1 audit par an, Frédérique Renard-Dewynter est la responsable des Audits. Sophie Brard-Fudulea, Marie-Agnès Bergeot et Roland Akakpo, Benoît Desnoues, Arnel Donkpegan et Romuald Rouger sont auditeurs généticiens. La formation d'auditeur consiste à suivre deux journées de formation donnée par un formateur ingénieur QSE extérieur au SYSAAF, puis à participer à au moins un audit en tant qu'observateur, et ensuite auditer un site accompagné d'un auditeur confirmé.



Le SYSAAF réalise également un audit interne du service audit et informatique en fin d'année.

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 réalisent 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, de challenges à des pathogènes sur la Plateforme Fortior-Genetics et des analyses en spectrométrie sur la Plateforme SpecGen.

En 2021, le SYSAAF a également réalisé des prestations d'audit et d'appui technique à la conduite de programme de sélection outre-mer et pour des entreprises étrangères (2 entreprises). Outre les conséquences positives en termes financiers, ces implications concourent à l'acquisition de compétences sur de nouvelles espèces pouvant être mises à profit ultérieurement et nous confortent quant à la qualité de notre expertise vis-à-vis de la concurrence sur le marché international de la prestation. Deux accords ont cours avec les gouvernements de Nouvelle-Calédonie (via l'adhésion de l'ADECAL Technopôle), et de Polynésie Française (via la Direction des Ressources Marines) concernant la gestion et l'amélioration génétique de leurs souches de crevette bleue *Litopenaeus stylirostris*. Un troisième accord a été signé en milieu d'année avec le gouvernement de Polynésie Française concernant l'appui technique à la mise en place de la domestication et d'une amélioration génétique de l'huître perlière *Pinctada margaritifera* par les écloséries.

4-3 Service analyse de ploïdie chez les espèces aquacoles

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 7400 individus ont été testés en 2021, représentant 148 heures de travail cumulé. Des analyses sont programmées tout au long de l'année. Trois entreprises ont sollicité ce service.

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 *a minima* mensuellement avec les plateformes partenaires, Labogena DNA et Gentyane.

4-5 Service de formation professionnelle et enseignements dispensés

Enregistré sous le n° d'agrément 24 37 0258 537 auprès du Préfet de la Région Centre Val-de-Loire qui ne vaut pas agrément de l'Etat, le SYSAAF peut assurer des formations et répondre aux des sollicitations d'adhérents ou externes en organisant des formations professionnelles spécifiques ou collectives.

Les agents du SYSAAF sont également impliqués dans différents programmes d'enseignements universitaires ou d'écoles d'ingénieurs. Par ailleurs, outre l'accueil de stagiaires de niveaux master, le



SYSAAF accueillait 4 doctorants bénéficiant de financement de thèse CIFRE au cours de l'année 2021 dont 2 ont réalisé leur soutenance.

4-6 Communication

La communication des résultats des programmes expérimentaux pour lesquels nous avons bénéficié de financements publics est une obligation contractuelle, mais au-delà, il est crucial pour le SYSAAF de communiquer auprès de ses adhérents et autres partenaires afin que les résultats acquis soient transférés et valorisés au mieux. Dans ce contexte, ils sont entre autres présentés lors de congrès et journées techniques destinés aux professionnelles, mais également dans des congrès scientifiques et/ou des articles scientifiques publiés dans des revues à comité de lecture. Une liste non-exhaustive de près d'une 100^{aine} de communications de toutes nature est jointe en annexe de ce document (Annexe 5). Le SYSAAF organise par ailleurs son propre événement de communication envers ces adhérents et ces partenaires lors des Journées Inter Filièrtees du SYSAAF (Rennes – 19 et 20 octobre 2021).

Les mensuels de la presse professionnelle avicole et aquacole ont comme par le passé contribué à informer les filières concernées de nos activités, au travers d'articles et d'entrefilets évoquant les activités du SYSAAF et/ou de ses adhérents.

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



V - Partenariats du SYSAAF

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).

Depuis 2020, les interactions avec nos partenaires institutionnels se font surtout dans le cadre de la Commission Thématique Inter filières "Ressources Zoogénétiques", placée sous la responsabilité de FranceAgriMer, et dans le contexte des actions génétiques développées pour le PNDAR.

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.

Enfin, 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.

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

Nos interactions avec les acteurs de la recherche et plus globalement avec les organismes dont ils dépendent sont nombreuses et indispensables à la complétude de nos missions. Elles s'inscrivent en particulier dans le cadre de co-constructions de projets qui résultent en de nombreuses collaborations dans des programmes de recherche et développement dont les principaux sont décomptés Figure V.1.

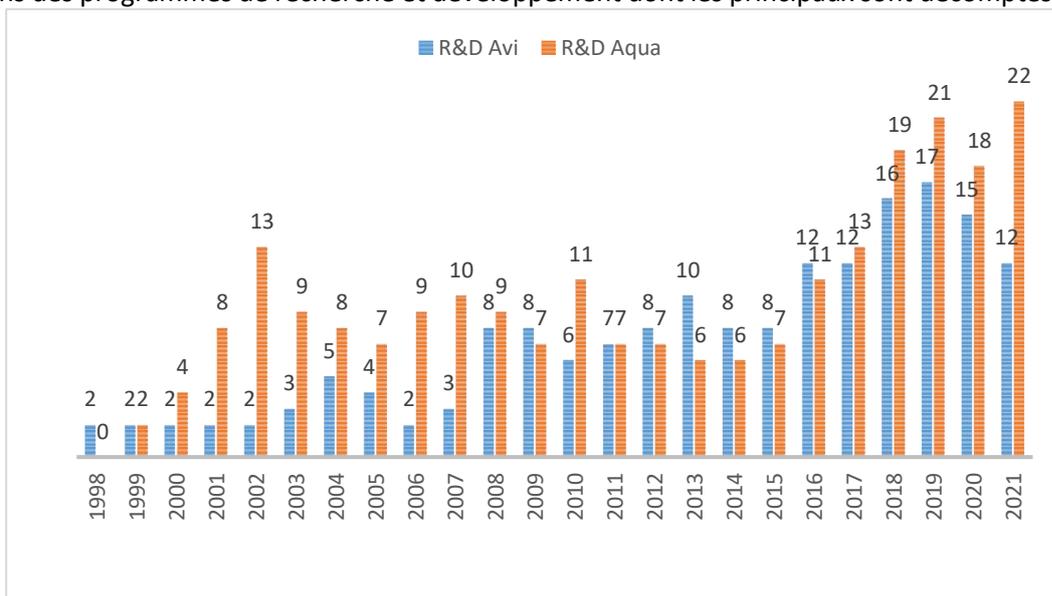


Figure V.1 : Evolution du nombre de programmes de recherche et développement annuels ou pluriannuels, en cours annuellement au SYSAAF depuis 1998.

Ces partenariats s'organisent dans un réseau indispensable à la réalisation des missions du SYSAAF (Figure V.2) et représentent une force remarquable pour le SYSAAF et ses adhérents.



Un réseau de partenariats scientifiques avec des chercheurs INRAE, Ifremer, CNRS, ANSES, ITAVI, etc...

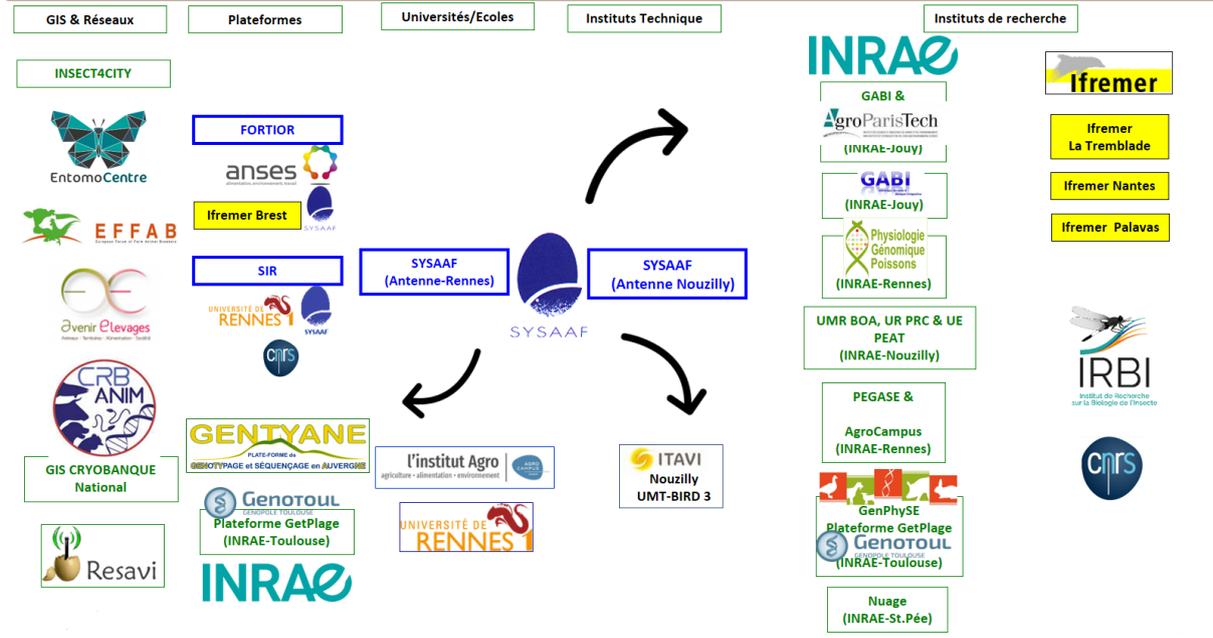


Figure V.2 : Unités INRAE, Ifremer, Anses, CNRS et ITAVI avec lesquelles le SYSAAF a eu des partenariats scientifiques significatifs dans les secteurs avicole et aquacole en 2020

5-3 Les partenariats avec les partenaires du secteur privé

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





VI - Quelques perspectives pour 2022 par M. Sourdioux.

« Une crise sanitaire Influenza Aviaire dramatique »

Le premier semestre 2022 est marqué par la plus grave crise sanitaire de ces dernières années dans la filière avicole. Ce nouvel épisode d'Influenza Aviaire a en particulier directement touché plusieurs sélectionneurs. A ce jour, l'ensemble du patrimoine génétique a pu être sauvegardé. Cependant, ce type d'événement démontre, s'il en était encore besoin, l'extrême fragilité de l'élevage face à la menace sanitaire. Pour la filière sélection, cela invite à se reposer la question de la qualité des schémas de « back-up » mis en place et doit inciter à retravailler différents scénarii de plan de sauvegarde, en mesurant le plus globalement et précisément possible leur efficacité génétique au regard des coûts qu'ils engendrent. Le SYSAAF possède les outils et le savoir-faire pour travailler cette question qui jusqu'à présent a surtout été gérée de façon empirique et au regard des expériences passées.

« Nouveau contexte Français et Européen »

Si le contexte sanitaire est particulièrement pesant en ce début 2022, les contextes sociétal et réglementaire évoluent eux aussi, invitant à définir de nouveaux objectifs pour la génétique de demain. Les attentes en matière de prise en compte du bien-être animal sont particulièrement prégnantes au niveau européen tout comme l'est également la nécessité d'intensifier les actions pour atténuer les effets du réchauffement climatique ou s'adapter à ses conséquences. Les objectifs des programmations d'Horizon Europe, du FEAMPA, et du PNDAR traduisent ces attentes et ce contexte.

Ainsi, le SYSAAF a le devoir d'accompagner ses adhérents dans ce sens. La structuration des axes de R&D en sera donc modifiée dès 2022. Bien sûr, ce n'est pas une totale rupture avec ce qui a été réalisé précédemment mais des inflexions fortes sont à prévoir et les résultats sont souvent attendus dans un délai peu compatible avec la réalité des schémas de sélection. Au-delà des aspects techniques et scientifiques le rôle du SYSAAF est important au côté de ses adhérents pour les accompagner dans les discussions avec les pouvoirs publics à l'échelon français ou européen.

« Orientations et réflexion stratégiques »

Dans cet environnement changeant et pesant, il convient de s'assurer de la bonne adéquation entre les orientations du SYSAAF, sa structuration, ses moyens, et les objectifs qui lui sont assignés. Le Conseil d'Administration a proposé de lancer en 2021 une vaste réflexion sur les orientations à moyen long terme du SYSAAF. L'année 2021 a donc été un moment de réflexion et d'échange conclue par un séminaire d'orientation stratégique le 1^{er} et 2 décembre 2021. Les conclusions de ce séminaire ont permis de pointer un certain nombre d'axes de travail pour les années à venir et 2022 sera consacré à finaliser ces axes et l'organisation du SYSAAF de demain.

Quelques changements notables sont déjà intervenus dans le courant du premier semestre. De nouveaux statuts ont été adoptés en Assemblée Générale Extraordinaire le 1^{er} juin 2022, officialisant la création d'une section entomocole spécifique au SYSAAF et ouvrant le Conseil d'administration à plus de diversité dans sa représentation des adhérents aquacoles, en réservant un poste administrateur aux entreprises conchylicoles et un aux entreprises crevetticoles. Une nouvelle organisation se met également en place au sein des équipes avec la mise en place de référents espèces dans l'équipe aquacole et la désignation de chefs de projet dédiés à chaque adhérent dans l'équipe avicole. Cette plus grande proximité, et cette spécialisation partielle doivent permettre de gagner en efficacité et en interaction avec les membres adhérents du SYSAAF.

« Des partenariats renforcés »

Pointé également dans la réflexion stratégique, il apparaît clairement que dans un contexte de plus en plus complexe et nécessitant des démarches multifactorielles, une approche partenariale est capitale pour atteindre les objectifs que se fixe le SYSAAF pour ses adhérents et dans le cadre de sa mission pour le Plan Pluriannuel de Développement Agricole et Rural. Si de nombreux partenariats sont d'ores et déjà établis et efficaces, le dépôt de projet de PNDAR 2022-27 a permis de rapprocher les équipes



SYSAAF et ITAVI, et ce rapprochement a également abouti à un travail commun très positif dans la construction d'un projet de nouvel UMT avec l'INRAE. Ce projet d'UMT BECOME, s'il est accepté, donnera un nouvel élan dans la co-construction de projets de recherche réunissant le SYSAAF et l'Institut Technique.

Dans un souci de complémentarité, la création d'un partenariat entre l'ITSAP et le SYSAAF a également pu aboutir. Le premier semestre a permis de faire se rencontrer les équipes ainsi que les représentants professionnels du secteur apicole et les acteurs de la recherche, INRAE en particulier, afin d'affiner la stratégie de collaboration. C'est un projet ambitieux pour la filière apicole mais nul doute que tous les acteurs pouvant apporter leurs compétences sont aujourd'hui réunis pour parvenir à avancer vers des schémas de sélection plus performants en accord avec les attentes.

« Transfert et impact »

Le SYSAAF, poursuivra sa mission en vue de transférer au maximum les résultats de la recherche auprès des entreprises de sélection. Cela ne s'effectue pas toujours de manière directement visible, chaque adhérent ne souhaitant pas toujours communiquer sur la façon dont il intègre et s'approprie les résultats les plus récents.

De façon plus transparente, les Journées Techniques Inter Filières du SYSAAF, deviennent un rendez-vous incontournable pour présenter, avant leur transfert en entreprise, les résultats des actions de recherche. En 2022, ces journées seront organisées les 5 et 6 octobre par thématique et non par filière afin que les avancées réalisées sur l'une puissent irriguer le travail sur les autres.

« Travail de l'ombre »

L'ensemble des activités scientifiques et techniques ne peuvent aboutir sans un accompagnement efficace et pertinent de tous les services d'appui. Le service administratif, les services supports en général, continueront d'évoluer, souvent de façon silencieuse, pour que cet ensemble soit rendu possible. L'année 2021 aura été particulièrement difficile, avec un service administratif devant faire face à une augmentation très conséquente de l'activité en étant lui-même dans une phase de transition en personnel délicate. 2022 doit donc permettre de consolider les services supports.

Le modèle économique du SYSAAF aura lui aussi été mis à rude épreuve en 2021. Il convient en 2022, en continuité de la réflexion stratégique, de revoir fondamentalement les modalités du fonctionnement économique du SYSAAF pour que les moyens soient en rapport avec les ambitions.

« Et si je dois conclure plus personnellement »

Cette année 2021 est pour moi la première à la Direction du SYSAAF. Participer à un nouveau chapitre de la vie du SYSAAF, dans un nouveau contexte d'accompagnement des pouvoirs publics français et européens, est une mission motivante et ouvrant à de multiples champs de recherche et de transfert vers les entreprises. De beaux projets en perspectives donc, et je profite de cette conclusion pour remercier l'ensemble des salariés et des adhérents qui ont tous fait en sorte que ma première année se déroule dans les meilleures conditions possibles.



Siège social & Adresse postale
SYSAAF - Centre INRAE - Val de Loire,
Unité Mixte de Recherche en Biologie des Oiseaux et Aviculture (UMR-BOA),
37380 Nouzilly, France.
Tél. : 00.33.2.47.42.76.43 [Dir. : 79.43]
Courriel : sysaaf@INRAE.fr
Site internet : www.sysaaf.fr

Directeur de la publication et rédacteur en chef : M. Sourdioux
Co-rédacteurs : F. Renard-Dewynter, S. Brard-Fudulea & P. Haffray

Avec les contributions de :
R. Akakpo, J. d'Ambrosio, A. Bestin, M. Besson, M-A Bergeot, M. Charrier, B. Desnoues, A.
Donkpegan, R. Duclos, C. Eklouh-Molinier, F. Enez, Y. François, A. Jourdan, R. Morvezen, P. Patrice, M.
Reverchon, R. Richer, R. Rouger & S. Thiercelin.