

Rapport d'Activité 2018



Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquicoles Français

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



Sommaire

Avant Propos	5
I - Contexte national dans lequel s’inscrit l’action du SYSAAF	7
II - Organisation fonctionnelle du SYSAAF	13
2-1 Gouvernance	13
2-2 Assemblée Générale Annuelle	15
2-3 Ressources humaines	16
2-4 Ressources financières	24
2-4-1 Budget annuel 2018	24
2-4-2 Tarifs des prestations aux adhérents en 2018.....	27
2-5 Adhérents	28
2-6 Espèces	31
III - Missions et Activités de R&D du SYSAAF	36
3-1 Appui technique à la sécurisation de la diversité génétique et à la sélection génétique	39
3-1-1 Sélection génétique	39
3-1-2 Appui à la Sauvegarde des races locales de volailles.....	41
3-1-3 Cryopréservation de ressources biologiques avicoles et aquacoles	41
3-2 Recherche de nouvelles méthodes de phénotypage bas et haut-débit pour quantifier de nouveaux caractères d'intérêt	43
3-2-1 Objectifs du projet	43
3-2-2 Etat de l’art, aléas, incertitudes scientifiques, verrous technologiques, démarche expérimentale, travaux de recherche réalisés.....	44
3-3 Création de ressources génomiques et/ou d’outils de génotypage pour caractériser, gérer et préserver le patrimoine génétique chez les espèces des filières avicoles et aquacoles	54
3-3-1 Objectifs du projet	54
3-3-2 Etat de l’art.....	55
3-3-3 Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques	56
3-3-4 Travaux de recherche réalisés, démarches expérimentales	57
3-4 Utilisation d’outils de génotypage haut débit pour la sélection des populations avicoles et aquacoles	63
3-4-1 Objectifs du projet	63
3-4-2 Etat de l’art.....	63
3-4-3 Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques	65
3-4-4 Travaux de recherche réalisés, démarche expérimentale.....	67
3-5 Recherche pour l’optimisation des outils informatiques et des méthodes statistiques	72
3-5-1 Objectifs du projet	72
3-5-2 Etat de l’art, Aléas, Incertitudes scientifiques & Verrous technologiques	72
3-5-3 Travaux de recherche, Démarche expérimentale & Résultats acquis.....	72
IV - Autres missions et services du SYSAAF	78
4-1 Référentiel et Audits	78
4-2 Prestations et/ou Services adhérents et externes	80
4-3 Service analyse de ploïdie chez les espèces aquacoles	80
4-4 Service d’appui à la réalisation de génotypage et séquençage	80

4-5 Service de formation professionnelle et enseignements dispensés	80
4-6 Communication	81
4-7 Service administratif et financier.	81
V - Partenariats du SYSAAF.....	83
5-1 Les partenariats institutionnels	83
5-2 Les partenariats avec les organismes de Recherche et de Développement	83
5-3 Les partenariats avec les partenaires du secteur privé	87
VI - En résumé, quelques faits marquants de l'année 2018	88
Annexe 1 : Coordonnées des adhérents aquacoles du SYSAAF au 1 ^{er} janvier 2019.....	91
1 - Coordonnées des adhérents piscicoles du SYSAAF	91
2 - Coordonnées des adhérents repeuplement et restauration écologique aquacoles du SYSAAF	93
3 - Coordonnées des adhérents conchylicoles du SYSAAF	93
4 - Coordonnées des adhérents crevetticoles du SYSAAF	94
5 - Coordonnées de membres associés du SYSAAF	95
Annexe 2 : Coordonnées des adhérents avicoles du SYSAAF au 1 ^{er} janvier 2019	96
Annexe 3 : Liste des programmes expérimentaux de Recherche et Développement impliquant le SYSAAF en 2018.	99
Annexe 4 : Liste des publications-communications des agents du SYSAAF en 2018.....	142
1 - Articles primaires publiés dans périodiques à comité de lecture ou ouvrages	142
2 - Synthèse publiés dans périodiques à comité de lecture	142
3 - Articles publiés dans périodiques sans comité de lecture	143
4 - Communications courtes dans congrès et symposiums internationaux	143
5 - Communications courtes dans des congrès scientifiques et symposiums nationaux	145
6 - Communications dans des réunions techniques ou scientifiques à public restreint	145
7 - Rapports d'activité, Propositions et Compte-rendu de programmes de recherche	146
8 - Documents diplômants (Agents et Stagiaires encadrés)	147
9 - Documents internes	147
Annexe 5 : Formations suivies par les agents du SYSAAF en 2018	148
Annexe 6 : Formations et enseignements organisés et/ou assurés par les agents du SYSAAF en 2018	149
Annexe 7 - Thèses en cours de réalisation et-ou soutenu par des salariés du SYSAAF en 2018.....	150
Thèse de Clémence Fraslin (2015-2018)	150
Thèse de Jonathan D'Ambrosio (2017-2020)	151
Thèse de Ronan Grio (2018-2021)	151
Thèse de Pierrick Haffray (<i>soutenue le 9 décembre 2018</i>)	152
Annexe 8 : Analyse de ploïdie par cytométrie de flux	153
Annexe 9 : FORTIOR Genetics, une plate-forme pour améliorer la résistance des poissons d'élevage aux maladies par sélection génétique.	154
Annexe 10 : Liste des Activités de Gestion Administratives et Financières.....	155
Annexe 11 : Liste et nature des implications d'agents ou adhérents du SYSAAF présents dans les instances décisionnelles de structures partenaires.....	156
Annexe 13 : Ordre du Jour de l'Assemblée Générale Ordinaire du SYSAAF 2018.....	157
Annexe 14 : Glossaire.....	158

Avant Propos

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

Au quotidien, le SYSAAF, par une approche collective, originale et unique au monde, en mutualisant des compétences, des méthodes et des outils, a apporté un appui technique à 35 acteurs en 2018, majoritairement des PME et TPE, qui mettent en œuvre des programmes de gestion et/ou d'amélioration génétique rigoureux et optimisés à des fins commerciales et/ou de gestion génétique s'appliquant à plus d'une 100^{aine} de populations, lignées ou races pures, d'une 30^{aine} d'espèces différentes, des filières avicoles (10), aquacoles (19) et autre (1). Cette diversité génétique, en termes d'espèces et de populations, répond aux demandes de multiples marchés (niches, locaux, nationaux et exports pour des produits conventionnels ou festifs sous signes de qualité [IGP, Label Rouge, AOC, Productions biologiques]). Elle correspond de ce fait à des productions commercialisables variées (œufs de consommation ou à 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). Ces productions génèrent directement ou indirectement une activité économique conséquente représentant souvent l'intégralité du marché français et des volumes conséquents à l'export, soit globalement plus de 20% du chiffre d'affaire des filières animales en France. Les filières avicoles et aquacoles représentent par ailleurs environ 90% du solde excédentaire de la balance commerciale de la génétique française, soit plus de 130 millions d'euros. Ces productions occupent également une place importante pour le maintien d'activités agricoles de type polyculture-élevage et aquacoles au sein des territoires ruraux et littoraux, puisque, outre l'ensemble des activités conchylicoles, de même qu'une majorité des installations piscicoles, environ 1/3 des exploitations avicoles françaises recensées se trouvent en dans des zones à handicap naturel.

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

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

1 - Assurer un appui technique à la mise en œuvre de programmes de gestion génétique, aux acteurs qui le souhaitent. Celui-ci inclut la mise en place de dispositifs de sélection pedigree afin d'assurer une bonne gestion de la diversité génétique et de permettre l'évaluation génétique des reproducteurs candidats à la sélection, puis leur choix et l'établissement de plans d'accouplement spécifiques.

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

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

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

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

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

Les thématiques des nombreux programmes de recherche et développement en cours de réalisation qui n'entrent pas dans le champ de l'enveloppe du Programme CAS-DAR 775, même ils sont indispensables à la réalisation de l'action élémentaire 3, ainsi que les principaux résultats acquis sont présentés dans le chapitre 3. Ils font également l'objet de fiches synthétiques qui sont présentées en annexe (Annexe 3). Ce rapport inclut également plusieurs autres annexes (Annexes 1 à 14) qui le complète utilement, comme une liste actualisée des adhérents du SYSAAF (Annexes 1 & 2) et une liste des publications-communications réalisées en 2018 (Annexe 3). Plus complet que la synthèse du rapport d'activité qui est présentée oralement lors de l'Assemblée Générale Annuelle, il en constitue de fait le complément du procès-verbal et apporte un éclairage sur les perspectives d'évolutions, tant organisationnelles que fonctionnelles.

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

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

Le syndicat professionnel, créée en 1952 sous le nom de SNAA (Syndicat National des Aviculteurs Agréés) à l'initiative du Ministère en charge de l'Agriculture, a initialement assumé des fonctions généralistes au profit de multiplicateurs et accoueurs agréés de la filière avicole. Le SNAA, dont l'objet était de contribuer à la structuration de la filière avicole, a rapidement fédéré de nombreux 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 massale, les autres étant agréés comme multiplicateurs et/ou accoueurs. La mise en œuvre des concepts et méthodes de sélection génétique a conduit certains acteurs à spécialiser leur activité ; dès lors le SNAA devint le SYSAF (Syndicat des Sélectionneurs Avicoles Français) en 1979, puis le SYSAAF (Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français) en 1991 (Stevens, 1996), avec la prise en charge de sélectionneurs du secteur aquacole à l'initiative conjointe de l'INRA et du Ministère en charge de l'Agriculture. Initialement limités à la filière truiticole, le secteur aquacole regroupe aujourd'hui des entreprises de sélection d'autres espèces piscicoles d'eau douce et marines, mais également conchylicoles et crevetticoles, ainsi que des acteurs de la restauration écologique et du repeuplement.

Aujourd'hui, le SYSAAF apporte un appui technique auprès d'une 40^{aine} de structures, dont 35 adhérents en 2018, mettant en œuvre des programmes de sélection et gestion génétique des filières avicoles et aquacoles. Cette activité s'inscrit dans le contexte de la loi sur les animaux d'élevage de 2006 et est exercée dans le cadre d'une délégation de responsabilités de la part de l'Institut Technique de l'Aviculture (ITAVI), autorisé par les services du Ministère de l'Agriculture [DGPE - Direction Générale de la Performance Économique et Environnementale des Entreprises - Bureau du Lait, des Produits Laitiers et de la Sélection Animale], sur avis favorable de la CNAG (Commission Nationale d'Amélioration Génétique) (Arrêté du 31 juillet 2007). Cette délégation d'activité a été prorogée pour une période de 5 ans à compter du 1^{er} janvier 2018 (2018-2023), 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 CASDAR 2014-2020" du programme 775. Celui-ci est défini en cohérence avec les objectifs du Programme national de développement agricole et rural (PNDAR) et partiellement financé par le Compte d'Affectation Spéciale Développement Agricole et Rural (CASDAR).

La délégation concerne une liste spécifique d'opérations (Tableau 1) correspondant aux finalités en matière d'amélioration et de gestion des ressources zoogénétiques se rattachant à l'action élémentaire 3, faisant l'objet du présent programme. Les ressources zoogénétiques concernées font l'objet d'une liste positive de 49 espèces (Tableau 2) dont 2 nouvelles espèces ayant fait l'objet d'une demande d'extension validée lors de la CNAG du 23 Octobre 2018. Cette dernière demande d'extension de la liste des espèces concernait une espèce de crevette, mais également une espèce d'insecte, la Mouche Soldat noire, espèce pour laquelle le SYSAAF a fait l'objet d'une demande d'appui technique. Ces 49 espèces ne font pas toutes aujourd'hui l'objet de programmes de sélection généalogique, mais cette démarche permet de porter à la connaissance du Ministère, les espèces pour lesquelles des populations font l'objet de programmes de domestication et susceptibles de faire l'objet de programme de sélection à brève échéance. Cette démarche a par ailleurs permis d'anticiper les implications potentielles de la loi sur la biodiversité, ainsi de la mise en place de l'APA (Accès aux Ressources Génétiques et Partages des Avantages) au niveau Européen et de sa déclinaison au niveau national, pour les espèces qui n'ont pas le statut d'espèces ou variétés d'espèces domestiques. De fait, aucune des espèces aquacoles pour les lesquelles le SYSAAF apporte actuellement un appui

technique ne figure sur les listes officielles d'espèces domestiques. En conséquence, celles-ci pouvaient de facto être considérées comme sauvages. Cette problématique a fait l'objet de nombreux échanges entre le SYSAAF, la DGPE (MAA) et la DPMA (MEDDE, puis MAA) et a minima la notion de populations domestiques d'espèces sauvages devraient être retenue pour l'ensemble des espèces figurant sur cette liste.

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

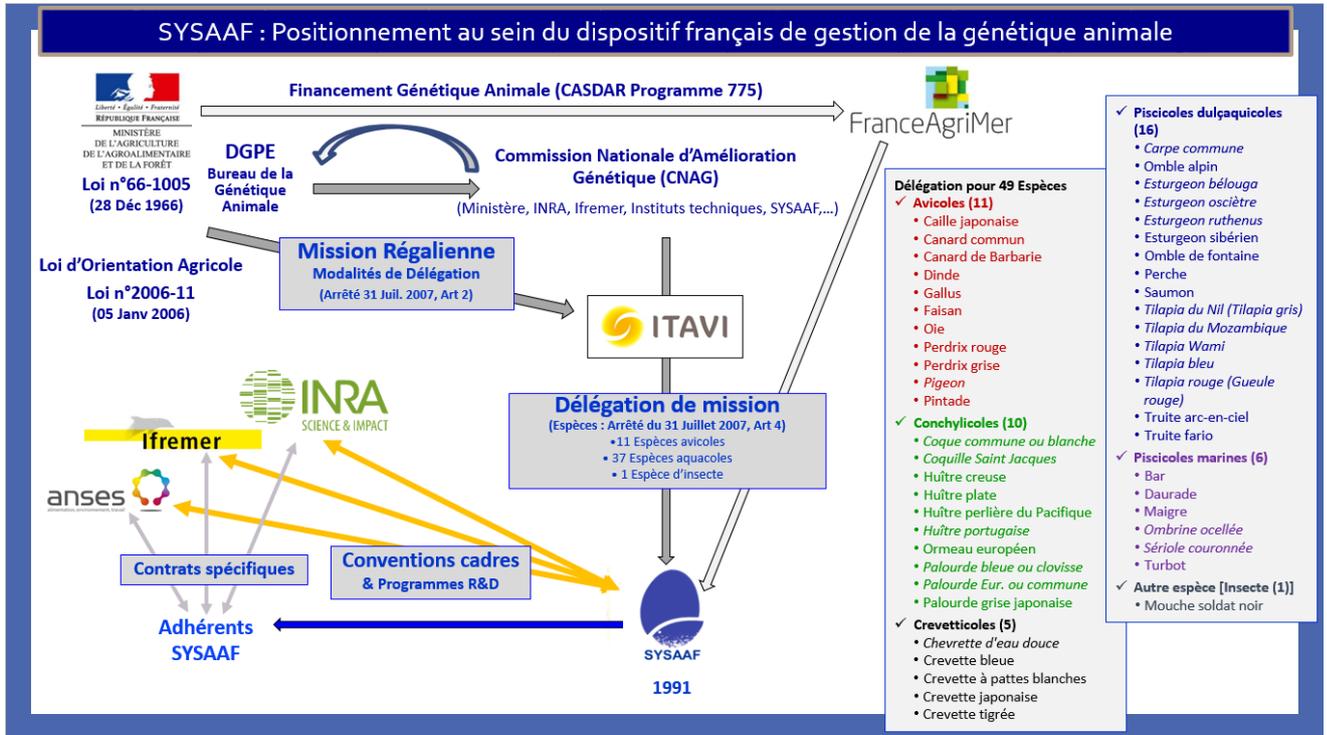


Tableau 1 : Liste des opérations en matière d'amélioration et de gestion des ressources zoogénétiques faisant l'objet de la délégation par l'ITAVI auprès du SYSAAF.

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

Tableau 2 : Liste actualisée des espèces faisant l'objet d'une délégation par l'ITAVI au profit du SYSAAF pour les actions d'amélioration et de gestion des ressources zoogénétiques, après validation de la demande d'extension lors de la réunion de la CNAG¹ du 23 Octobre 2018.

En jaune : Les 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>	
	Ombre de fontaine	<i>Salvelinus fontinalis</i>	
	Esturgeon sibérien	<i>Acipenser baeri</i>	
	Perche commune	<i>Perca fluviatilis</i>	CNAG du 17 Nov. 2010 Extension Délégation
	Carpe commune	<i>Cyprinus carpio</i>	CNAG du 19 Mai 2017 Extension Délégation
	Tilapia du Nil (ou tilapia gris)	<i>Oreochromis niloticus</i>	
	Tilapia du Mozambique	<i>Oreochromis mossambicus</i>	
	Tilapia Wami	<i>Oreochromis urolepsis</i>	
	Tilapia bleu	<i>Oreochromis aureus</i>	
	Tilapia rouge (ou tilapia gueule rouge)	Hybride fertile de 4 espèces (<i>O. niloticus</i> , <i>O. mossambicus</i> , <i>O. hornorum</i> & <i>O. aureus</i>)	
	Ombre alpin	<i>Salvelinus alpinus</i>	
	Esturgeon bélouga	<i>Huso huso</i>	
	Esturgeon osciètre	<i>Acipenser guldenstatii</i>	
Esturgeon ruthenus	<i>Acipenser ruthenus</i>		
Piscicole Euryhaline	Saumon Atlantique	<i>Salmo salar</i>	CNAG du 7 avril 2010 Extension Délégation

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

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

En aviculture chair, la consommation de viandes de volaille est repartie à la hausse depuis 2018. La France est le 3^e pays producteur de volailles en Union Européenne avec 1 973 000 TEC. La production de poulet est largement en tête avec 1 308 000 TEC, devant la dinde et le canard. En 10 ans, les quantités importées en provenance de l'Union Européennes ont toutefois doublé au détriment de la production nationale, avec près de 50% de la consommation de poulet importée ce qui contribue à l'accroissement du déficit commercial des viandes de volailles de la France. Les importations proviennent principalement de Pologne, et d'Espagne. Afin de redynamiser et de valoriser la viande française, l'interprofession de la volaille de chair Anvol a été créée et reconnue officiellement par arrêté en septembre 2018. Anvol réunit 20 organisations représentatives de la majorité des maillons des filières concernant les productions de poulet, dinde, canard à rôtir et pintade, depuis l'accoupage jusqu'à la distribution et la restauration, mais curieusement pas la sélection. Un autre objectif important du plan de la filière volaille de chair est l'objectif d'une augmentation de 50 % de la production de volailles bio et de 15 % des « Label Rouge ». La volaille reste la première viande consommée dans le monde et la deuxième en France, avec 27kg de volaille consommée par habitant et par an !

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

Outre ces productions destinées directement aux consommateurs, les acteurs amont des filières avicoles produisent des œufs à couvrir (OAC) et des poussins d'un jour, dont les exportations contribuent pour plus de 80% à l'excédent de la balance des échanges commerciaux de la génétique animale en France (118/131 millions d'€ en 2017/2018). De fait, toutes espèces avicoles confondues, la production française d'œufs à couvrir et de poussins d'un jour s'élève à environ 1,5 milliard et 1,0 milliard, avec des exportations qui représentent plus de 10% de ces productions, avec des variations importantes, tant en volume, qu'en pourcentage, suivant les espèces. Les ¾ de cette production concernent les poussins Gallus chair. On retrouve ensuite les canards (maigre et gras) et la dinde qui représentent chacun entre 8 et 9% de la production. Enfin, outre les espèces de gibier et la caille (environ 45 millions de cailleaux), la poule pondeuse (50 millions de poussins) et la pintade (Environ 28 millions de pintadeaux, contre 51 en 2000) représentent chacune moins de 5%.

Une étude réalisée en 2015 dans le cadre du GIS Elevage-Demain montre que les filières avicoles généraient alors environ 40.000 emplois directs et 70.000 indirects, soit l'équivalent de 110.000 ETP, représentant plus de 15% des emplois liés à l'élevage en France.

La France métropolitaine était en 2014 le troisième producteur en aquaculture de l'UE derrière l'Espagne et l'Italie, avec un peu plus de 180 000 tonnes. La conchyliculture en est le secteur prédominant avec une production estimée de 135 000 tonnes, principalement des huîtres (1^{er} producteur de l'UE) et des moules. Le secteur conchylicole compte environ 3 000 entreprises, représentant 17 500 emplois. Autosuffisante pour la production d'huître, la France importe toutefois plus de 90% des produits aquatiques consommés. Ainsi, la production piscicole française reste très insuffisante pour répondre à la demande intérieure et la balance commerciale est fortement déficitaire. En outre, le secteur piscicole voit sa production décroître progressivement puisque si elle représentait 51 000 T en 2004 (Données FEAP, 2015), la pisciculture continentale produit aujourd'hui 40 000 tonnes et la pisciculture marine 5 000 tonnes. Cette diminution résulte pour l'essentiel de

fermetures de sites d'élevages de truite et de poissons marins pour mises aux normes environnementales, couplé à l'absence de création de nouveaux sites.

Paradoxalement, les producteurs français bénéficient d'un approvisionnement en œufs et en alevins de qualité avec respectivement des productions d'environ 300 millions d'œufs de truite arc-en-ciel, d'une centaine de millions d'alevins de bar et de daurade, et 1 million d'alevins de turbot et de maigre. La réputation de ces productions a permis de soutenir la compétitivité de la production nationale et de diversifier certaines productions, comme le passage de la truite portion à celle de grandes truites destinées à la découpe en darnes et au fumage, ou encore de consolider la mise en place de productions Label Rouge (truite fumée, turbot). Cette qualité permet aussi aux opérateurs aquacoles français d'exporter plus de 60% de leur production d'œufs et d'alevins vers des pays européens et hors de l'Union Européenne, représentant de l'ordre d'un tiers du chiffre d'affaire de la filière piscicole nationale. Ces exportations représentent annuellement entre 30 et 40 millions d'euros d'excédents dans la balance des échanges commerciaux, en compléments des 110 millions d'euros d'excédents du secteur avicole.

Les dynamiques contrastées observées entre les secteurs production et sélection-multiplication, tant pour les filières avicoles, qu'aquacoles, sont à mettre en lien avec les niveaux de technicité des acteurs. Par l'appui technique, qu'il apporte, le SYSAAF contribue à l'excellence du niveau technique des entreprises de sélection. Les productions avicoles et aquacoles s'inscrivent dans le contexte global de libéralisation des échanges internationaux, d'une diminution de la part du budget consacrée à l'alimentation, d'attentes croissantes en matière de bien-être, de traçabilité et de qualité des produits et plus globalement de durabilité des filières animales. L'objectif stratégique du programme 775 pour la programmation 2014-2020 qui est "d'Orienter les structures chargées du conseil aux agriculteurs vers le développement et la diffusion de systèmes de production innovants et performants à la fois du point de vue économique, environnemental et sanitaire, soit plus globalement vers l'agroécologie", s'inscrit bien dans ce contexte.

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

II - Organisation fonctionnelle du SYSAAF

2-1 Gouvernance

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

Cinq postes d'administrateurs étaient à pouvoir au cours de l'AG du 13 Juin 2018 ; 2 pour le secteur aquacole et 3 pour l'avicole. Pour le secteur aquacole, les mandats des administrateurs de MM. J-S Bruant (FMD) et F. Cachelou (Viviers de Sarrance) venaient à échéance. Ils étaient tous deux candidats au renouvellement et leur mandat et une 3^{ème} personne, M. Franck Brossard (France Turbot), s'est portée candidate.

Pour le secteur avicole, les mandats des administrateurs de B. Alletru (Gourmaud Sélection - Groupe Orvia), J. Fablet (ISA – Hendrix Genetics) et F. Fagnoul (Hubbard, Suppléant de Thomas de Bretagne) venaient à échéance et ils étaient tous trois candidats au renouvellement de leur mandat.

MM. F. Brossard (16) et J-S Bruant (22) ont été élus pour le secteur aquacole, sachant que M. F. Cachelou a recueilli 12 voix. Concernant les représentants du secteur avicole, les trois candidats, B. Alletru (25), J. Fablet (25) et F. Fagnoul (25) ont été élus à l'unanimité des votants.

La composition du nouveau conseil d'administration au 13 juin 2018 est donc la suivante :

6 Représentants du secteur aquacole : M. Franck Brossard (France Turbot - Groupe Gloria Marris), M. Jean-Sébastien Bruant (Ferme Marine du Douhet - Groupe Aqualande), M. Emmanuel Mazeiraud (Sources de l'Avance - Groupe Aqualande), M. Bertrand du Mesnildot (SATMAR), M. Vincent Murgat (Pisciculture Murgat) M. Bruno Peyrou (Ecloserie Marine de Gravelines - Groupe Gloria Marris),

7 Représentants du secteur avicole : Mme Magali Blanchet (Grimaud Frères Sélection - Groupe Grimaud), Mme Florence Petitjean (Centre de Sélection de Béchanne), M. Bernard Alletru (Gourmaud Sélection - Groupe Orvia), M. Denis Bourasseau (Gen'Ethic - Groupe Gibovendée), M. Frédéric Fagnoul (Hubbard - Groupe Aviagen), M. Julien Fablet (ISA - Groupe Hendrix Genetics), M. Laurent Salles (SASSO - Groupe Hendrix Genetics).

A l'issue de cette Assemblée Générale, M. Emmanuel Mazeiraud, Président du SYSAAF, confirmait son intention de ne pas briguer une prolongation de son mandat, puisque tel était déjà son intention en 2017. Avec l'ensemble des administrateurs, sa présidence aura indéniablement marqué une rupture pour le SYSAAF, comme on peut en juger par les évolutions qui ont cours et dont vous pourrez percevoir quelques-unes des implications à la lecture de ce rapport d'activité.

Dans une volonté d'alternance de la représentation entre les secteurs avicole et aquacole, tacitement instaurée depuis 2008, M. Bernard Alletru, un représentant du secteur avicole, a été élu 10^{ème} président du SYSAAF lors du Conseil d'Administration organisé à la suite de l'AG. Outre ce changement majeur, il faut souligner que même si le SYSAAF a encore du chemin à parcourir pour atteindre la parité, pour la 1^{ère} fois deux femmes siègent au Conseil d'Administration, qui plus est, aux postes respectifs de vice-présidente et de secrétaire-trésorière adjointe.



La composition du bureau du CA du SYSAAF pour l'exercice 2018-2019 est alors la suivante :

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

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

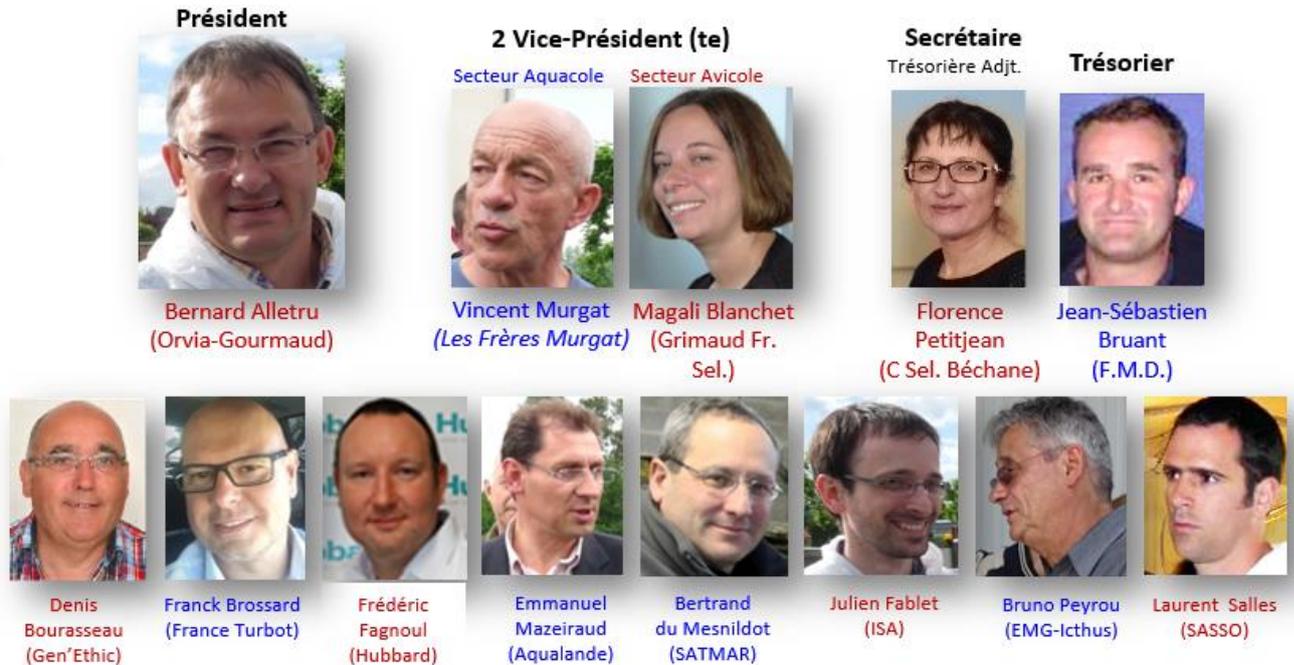
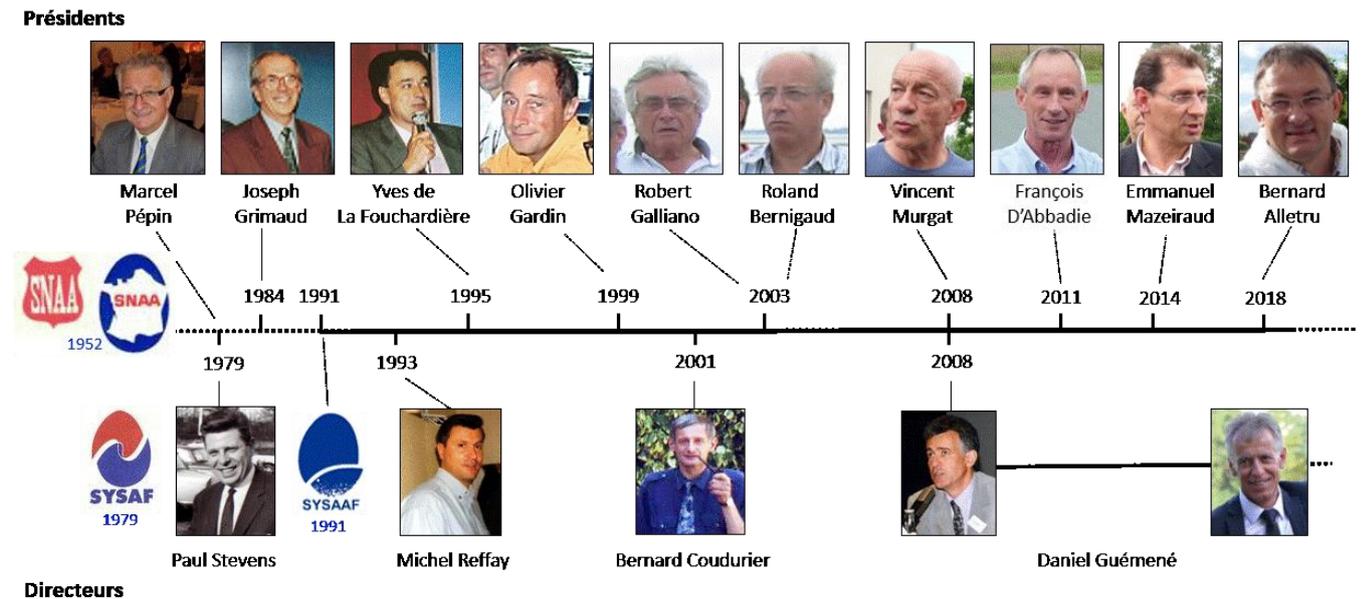


Figure 3 : Présidents et directeurs successifs du SNAA, SYSAF et SYSAAF.



Quatre conseils d'administration ont été organisés en 2018 (les 14 Février, 16 mai, 13 juin et 24 octobre) et les comptes rendus sont disponibles sur demande pour les adhérents après validation. Par ailleurs, des réunions du Bureau ou du Comité de Direction du SYSAAF ont également été organisées à chaque fois que nécessaire, mais ceux-ci n'ont pas vocation à donner systématiquement lieu à des CR.

2-2 Assemblée Générale Annuelle

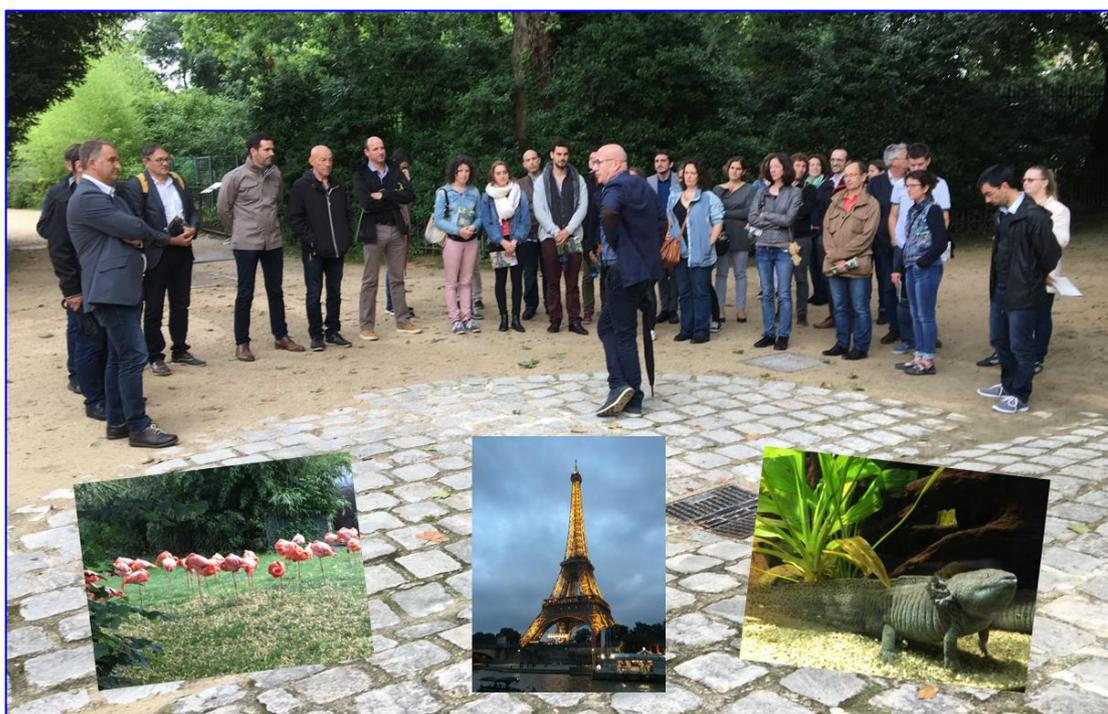
L'Assemblée Générale annuelle, ou comment faire d'une obligation statutaire, un moment de convivialité unique entre les adhérents de deux secteurs d'activités bien différenciés, les salariés du SYSAAF, ainsi que plusieurs représentants de nos partenaires. En 2018, ce temps fort de la vie de notre structure a été organisé à Paris au sein des locaux du Museum National d'Histoire Naturelle (57 rue Cuvier, 75005 Paris), avec la contribution de Michel Saint Jalme, chercheur au Museum National d'Histoire Naturelle et directeur du " Zoo du Jardin des Plantes". Très pédagogue, celui-ci nous a fait découvrir la veille la ménagerie du Jardin des Plantes, son rôle actuel, la gestion de ces cheptels et son histoire, au travers de ces particularités architecturales. En soirée, à l'image d'une arche de Noé, le SYSAAF embarquait sur les « Bateaux Mouches », pour un diner convivial.

Concernant l'Assemblée Générale du 13 juin, seuls 15 adhérents étaient présents (7 adhérents aquacoles et 8 avicoles), mais également 10 représentés (8 adhérents aquacoles et 2 avicole avaient donné un pouvoir). Ce sont donc 25 adhérents qui étaient représentés à l'Assemblée Générale sur 34 adhérents qui, étant à jour de leur cotisation, pouvaient statutairement participer à l'AG.

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

En début de 2nde partie de l'Assemblée Générale, 3 des 4 thésards, Clémence Fraslin, Jonathan d'Ambrosio et Ronan Griot ont, en 180 secondes chrono, réalisé la prouesse de présenter leur travail. Les salariés embauchés par le SYSAAF depuis la précédente AG, avec par ordre alphabétique Carole Blay, Pierre Patrice, Maxime Reverchon et Romuald Rouger, ce sont successivement livrés au même exercice, pour faire part de leur parcours et de leurs missions au sein du SYSAAF. Le même exercice a ensuite été réalisé par deux salariés recrutés en CDD par nos partenaires académiques, mais financés sur des programmes R&D coordonnées par le SYSAAF, Noémie Thébault (CDD INRA, Programme CanArray) et Enora Prado (CDD CNRS, Programme Oméga-Truite).

Sophie Brard-Fudulea et Romain Morvezen poursuivaient sur une synthèse relative au développement de la génomique au SYSAAF, intitulé "Où en sommes-nous 3 ans après la Journée Technique 2015 ? ». Avant que le président, Emmanuel Mazeiraud, ne clôture cette Assemblée Générale, Daniel Guémené présentait la charte de déontologie, élaboré en concertation avec les administrateurs et les administrateurs, qui s'adresse à la fois aux salariés du SYSAAF et à ses adhérents.



2-3 Ressources humaines

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

En décembre 2018, l'effectif du SYSAAF était de 20 personnes avec 15 salariés en CDI, 4 en CDD, auxquels il faut adjoindre son directeur mis à disposition par l'INRA. Un effectif jamais atteint auparavant, alors que l'année fut marquée par plusieurs départs, néanmoins compensés par un nombre plus important d'arrivées ; l'organigramme a donc beaucoup évolué au cours de l'année (Figures 4a & 4b). Le départ le plus symbolique est sans aucun doute celui de Maryse Boulay (Nouzilly) qui a fait valoir des droits à la retraite bien mérités après presque 40 ans de carrière au service des sélectionneurs avicoles. Une figure tutélaire du SYSAAF s'il en est puisqu'elle fut recrutée par Paul Stevens pour le compte du SNAA et qu'elle a ensuite successivement connu le SYSAF et le SYSAAF. Par ailleurs, ce sont 3 salariés en CDI, Anne-Sophie Tyran (Rennes), Katixa Larre (Nouzilly) et Amélie Bailliard (Nouzilly), qui ont successivement quitté leur fonction pour convenances personnelles au 1^{er} trimestre, alors que Clémence Frasin quittait elle le SYSAAF au 31 décembre après avoir brillamment soutenu sa thèse. Parallèlement, ce sont 7 salariés qui ont été recrutés, dont 5 en CDI et 2 en CDD, dans le cadre de contrats CIFRE, pour répondre aux besoins de remplacement et faire face à une importante augmentation d'activités, notamment dans le cadre de programmes de recherche et développement. Ainsi, Carole Blay et Pierre Patrice ont été recrutés en CDI sur le site de Rennes alors que successivement Maxime Reverchon, Romuald Rouger et enfin Frédérique Renard-Dewynter, étaient également recrutés en CDI sur le site de Nouzilly. Concernant les CDD, Ronan Griot a débuté en janvier sa thèse CIFRE sur le site Ifremer de Palavas-les-Flots pour travailler sur la sélection génomique chez le bar et la daurade et Marion Charrier en avril sur le site de l'Université de Rennes 1, en collaboration avec le CNRS et l'INRA, pour travailler sur le rôle des influences maternelles prénatales chez la caille japonaise et la perdrix rouge.

Les ressources humaines disponibles ont par ailleurs, comme par le passé, été complétées par un recours à de la main d'œuvre occasionnelle pour la réalisation de prestations pour les adhérents (0,25 ETP). Ce sont donc plus de 19 ETP qui ont globalement travaillé en synergie pour accompagner au quotidien les adhérents des filières avicoles et aquacoles dans leur métier, effectif d'un niveau sans précédent. Par ailleurs, deux ingénieurs recrutés en CDD par l'INRA (Mme Noémie Thébault) et le CNRS (Mme Enora Prado) ont travaillé exclusivement dans le cadre de programmes de recherche coordonnés par le SYSAAF (CanArray & Omega-Truite). De nombreux chercheurs représentant globalement une 30^{aine} d'ETP, travaillent également au quotidien dans les organismes de recherche au bénéfice des adhérents du SYSAAF dans le cadre de programmes de recherche.

La dynamique de renouvellement des salariés et d'accroissement des effectifs en cours a eu pour conséquence une forte évolution de la pyramide des âges avec un rajeunissement de la moyenne d'âge des salariés depuis 10 ans (45,5 en 2008 vs 35,5 en 2018). Le départ de salariés résulte par contre en des situations critiques qui peuvent être difficiles à gérer en raison d'une perte de compétences et de savoir-faire, générant un surcroît de travail pour les salariés restant en poste, avec la prise en charge de nouveaux dossiers, associé au besoin d'assurer des formations aux nouveaux arrivants. Néanmoins, force est de constater que le renouvellement du personnel consécutif au recrutement de nouveaux salariés ayant des parcours divers a aussi contribué positivement à élargir les compétences disponibles au SYSAAF. Cet élargissement c'est poursuivi début 2019, avec l'embauche en CDD de M. Marc Tessier dans le cadre du programme CanArray. Il nous faudra également à nouveau gérer de nouveaux recrutements pour pallier aux départs à venir, suite aux démissions pour convenance personnelle de Carole Blay (Rennes) et de Nabeel Alnahhas (Nouzilly).

Figure 4a : Organigramme hiérarchique et fonctionnel et ressources humaines du SYSAAF (13 Juin 2018)

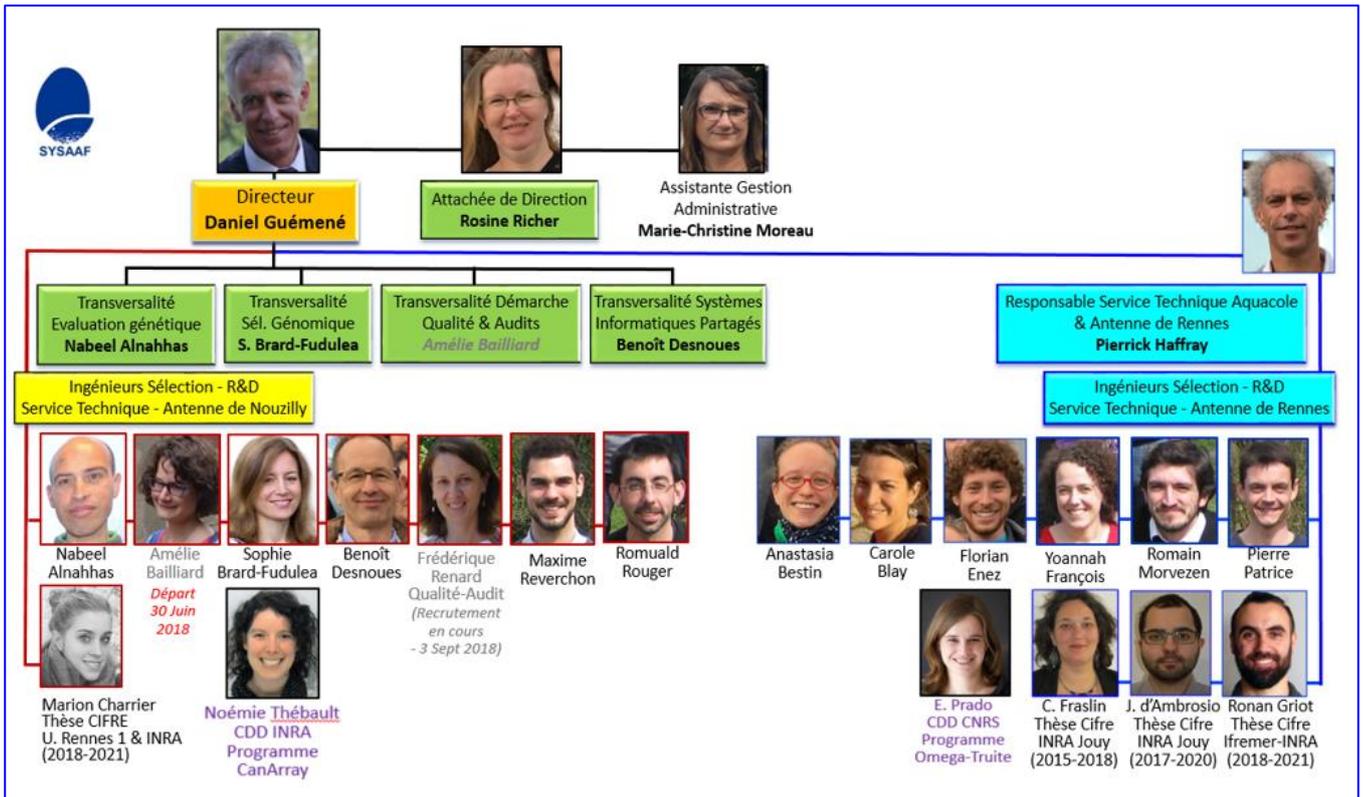


Figure 4b : Organigramme hiérarchique et fonctionnel et ressources humaines du SYSAAF (1^{er} Mars 2019)

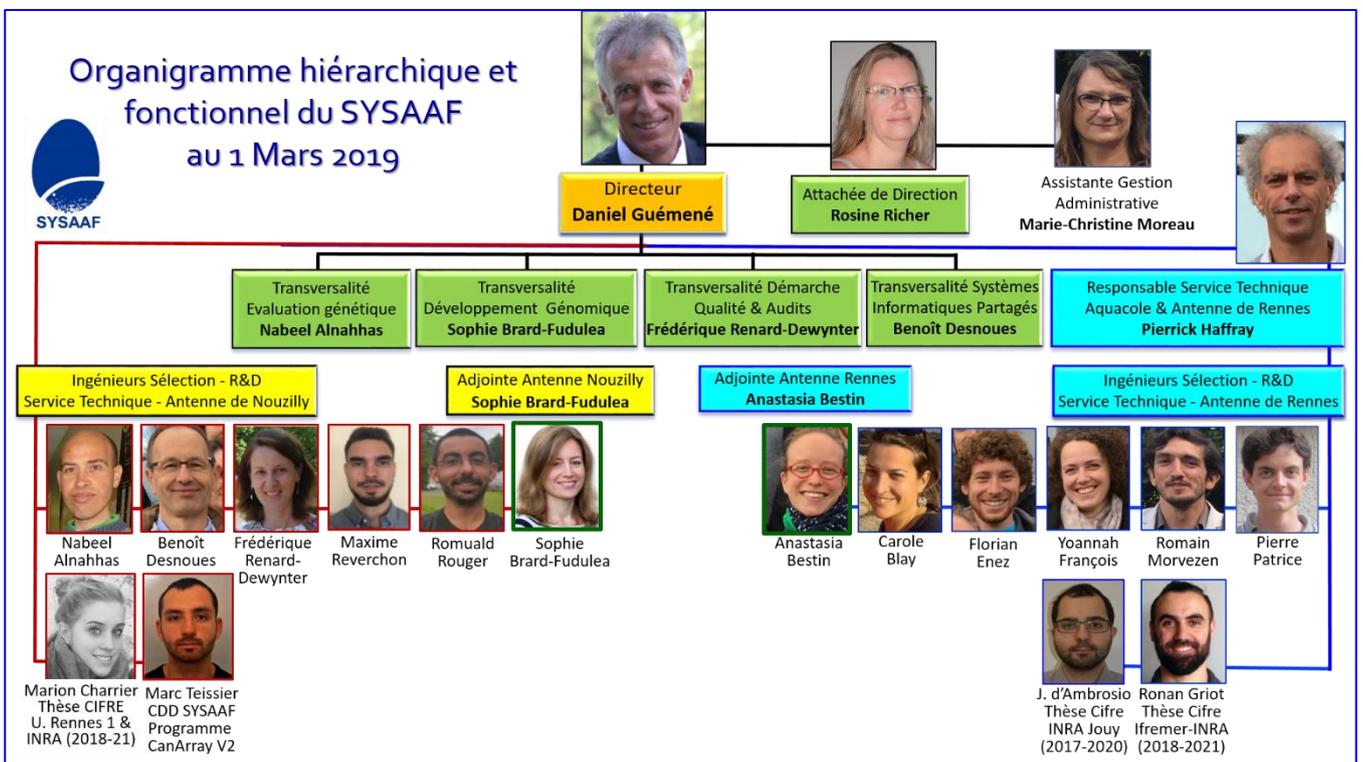
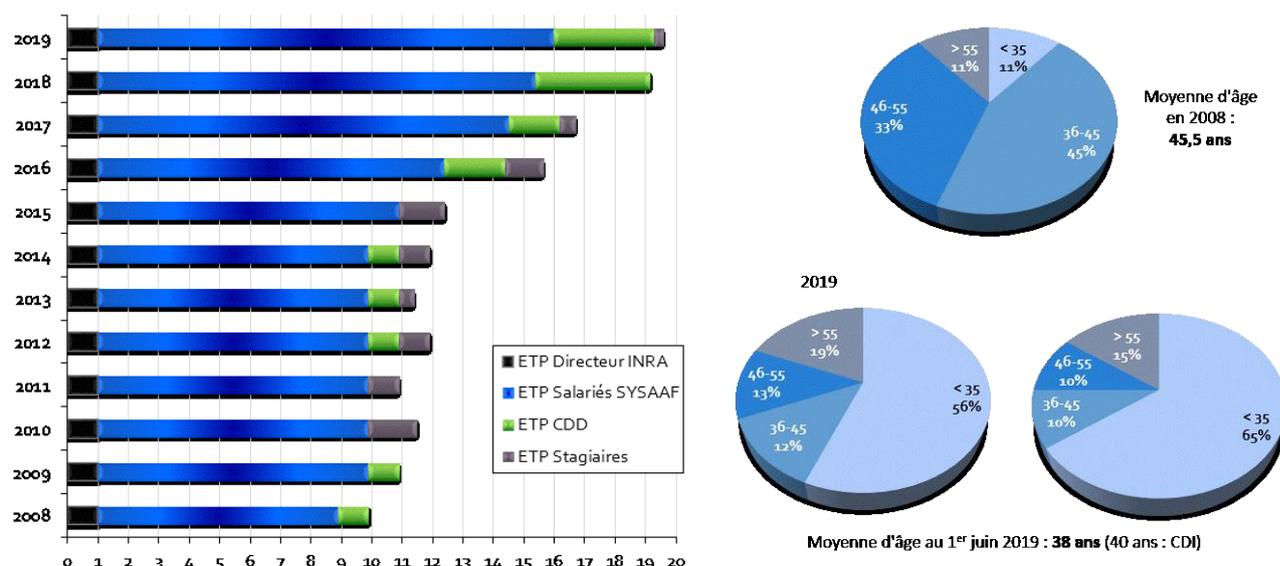


Figure 5 : Evolution du nombre d'ETP et répartition des salariés par classe d'âge entre 2008 et 2019



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

Les 19 salariés du SYSAAF sont majoritairement localisés sur deux sites. Le site historique où est basé le siège social est à Nouzilly, sur le Centre INRA Val de Loire au sein de l'Unité Mixte de Recherches Biologie des Oiseaux et Aviculture (UMR-BOA). Le 2nd site d'implantation est localisé au sein du Laboratoire INRA de Physiologie et Génomique des Poissons (LPGP) du Centre INRA de Rennes, sur le campus de l'Université de Rennes I à Beaulieu.

L'effectif présent sur ce site constituant le cœur des forces vives du service technique aquacole, était de 6 salariés fin 2018, en l'occurrence par ordre d'ancienneté Pierrick Haffray, Anastasia Bestin, Florian Enez, Romain Morvezen, Pierre Patrice et Carole Blay. Yoannah François rattachée à ce service est quant à elle basée sur le site de l'ANSES de Plouzané, où elle coordonne les expérimentations au sein de la Plateforme Fortior-Genetics.

Sont également rattachés à ce service, Clémence Fraslin, Jonathan d'Ambrosio et Ronan Griot, recrutés en CDD dans le cadre de contrats CIFRE pour réaliser des thèses sur des thématiques aquacoles. Les deux premiers sont hébergés au sein de l'unité GABI sur le site de INRA du Centre Jouy-en-Josas, alors que le 3^{ème} l'était au sein de l'unité MARBEC du site Ifremer de Palavas. Marion Charrier, la 4^{ème} CDD recrutée dans le cadre d'un contrat CIFRE, est quant à elle basée dans un laboratoire CNRS de l'Université de Rennes 1 et travaille sur une thématique avicole.

Globalement ce sont donc 10 ETP (7 CDI, et 3 CDD en 2018 puis 2 à partir de début 2019) qui travaillent exclusivement pour ce secteur technique aquacole en 2018, auxquels il faut adjoindre des contributions plus ponctuelles d'autres salariés et du directeur représentant environ 2,5 ETP. La responsabilité hiérarchique et fonctionnelle du personnel travaillant spécifiquement pour ce secteur aquacole est assurée par Pierrick Haffray, assisté sur le plan fonctionnel par Anastasia Bestin. Un chef de projet et un suppléant sont identifiés pour chacun des adhérents et des projets de recherche et développement ; ceux-ci sont les interlocuteurs pré-identifiés avec lesquels les contacts doivent-être privilégiés.

La Direction, les Services Administratifs et Financiers (TAF) ainsi que les services techniques avicoles, soient 9 personnes fin 2018, sont historiquement localisés sur le site de l'INRA de Nouzilly.

Le fonctionnement des Services Administratifs et Financiers (TAF) repose quant-à lui essentiellement sur les compétences et l'engagement de Rosine Richer (Attachée de direction) et de Marie-Christine Moreau, son assistante, qui travaille à temps complet depuis 2018. Ce service bénéficie en complément de l'implication de Daniel Guémené, mis à disposition par l'INRA en tant

que directeur du SYSAAF, mais également de la précieuse participation de chacun des salariés, en particulier de celle de Pierrick Haffray, en tant que responsable techniques des activités du secteur aquacoles et responsable hiérarchique des salariés rattaché à l'antenne SYSAAF de Rennes.

Six ingénieurs travaillant pour les services techniques avicoles du SYSAAF sous la responsabilité hiérarchique et fonctionnelle du directeur, assisté sur le plan fonctionnel par Sophie Brard-Fudulea, étaient hébergés sur le site de Nouzilly fin 2018. Par ordre d'ancienneté, nous avons Benoît Desnoues (1987), Nabeel Alnahhas (2015), Sophie Brard-Fudulea (2015), Maxime Reverchon (2018), Romuald Rouger (2018) et Frédérique Renard-Dewynter (2018). Marion Charrier, rattachée aux secteur avicole, a été recrutée en CDD en 2018 pour réaliser une thèse dans le cadre d'un contrat CIFRE et a rejoint un laboratoire du CNRS au sein de l'Université de Rennes 1. Au niveau fonctionnel, les activités du service sélection pour les espèces avicoles sont sous la responsabilité de Benoît Desnoues. Sauf exception, les adhérents du secteur avicole n'ont pas d'interlocuteur privilégié, mais un binôme d'interlocuteurs qui peut potentiellement être différent à chaque session de traitement. Les salariés de ce service sont par ailleurs mobilisés sur un nombre croissant de programmes de R&D bénéficiant ou non de financements externes et 4 d'entre eux sont responsables de l'animation de l'une des 4 transversalités.

2-3-3 Une démarche managériale :

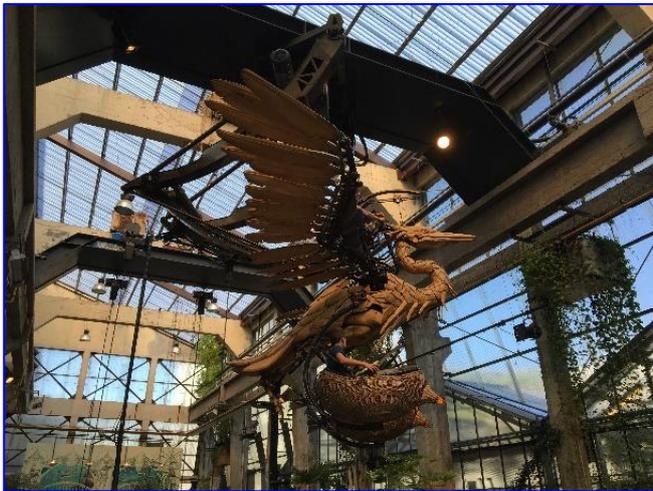
Le départ de salariés engendre toujours des pertes de savoir-faire et d'expériences. Néanmoins, le renouvellement du personnel et l'augmentation du nombre de salariés apparaissent également comme autant d'opportunités pour élargir le spectre des compétences permettant de répondre aux nouveaux enjeux et besoins du SYSAAF et de ses adhérents. Dans ce contexte d'une importante évolution associée à une dispersion géographique des salariés sur plusieurs sites, la définition précise des missions de chacun et la mise en place d'une organisation hiérarchique et fonctionnelle spécifique sont impératives. Des adjointes ont ainsi été identifiées pour chacun des sites avec Sophie Brard-Fudulea à Nouzilly et Anastasia Bestin à Rennes. Le rattachement hiérarchique et fonctionnel des salariés à l'un des 2 sites principaux est associé à la participation à une vie interne spécifique incluant des réunions de service. Néanmoins, cette organisation ne préjuge pas d'un cloisonnement et les salariés ont l'opportunité de participer à différentes réunions intersites. Outre l'AG annuelle, le séminaire annuel de lancement traditionnellement organisé en septembre est l'autre rendez-vous annuel impliquant l'ensemble du personnel, y compris les CDD. Les journées thématiques trimestrielles concernent les salariés en CDI, alors que les réunions de transversalités et les nombreuses réunions de comité de pilotage de programme, de thèse, etc. organisées tout au long de l'année qui sont autant d'opportunités de rencontre et d'interactions, impliquent des cercles variés de salariés selon les thématiques à l'ordre du jour.

Cette organisation contribue indéniablement à la création de liens forts et à dynamiser la structure, en particulier au travers des 4 transversalités techniques mises en place au sein du SYSAAF il y a 4-5 ans et qui ont largement contribué à accroître les synergies entre les sites de Nouzilly et Rennes. Ainsi, outre les Services Administratifs et Financiers (TAF), chacune des 4 transversalités techniques est animée par un responsable local et un référent correspondant sur le site distant, avec charge pour eux d'en piloter le fonctionnement. Les transversalités actuelles sont les suivantes :

- Développement Génomique (TDG) : Responsable Sophie Brard et référent Romain Morvezen,
- Evaluation Génétique (TEG) : Responsable Nabeel Alnahhas et référent Florian Enez,
- Systèmes Informatiques Partagés (TIF) : Responsable Benoît Desnoues et référent Florian Enez (Koala, serveurs) & Pierre Patrice (InfAqua),
- Démarche Qualité (TDQ) : Responsable Amélie Bailliard, puis Frédérique Renard-Dewynter (Différents référents spécifiques à Rennes).

En 2018, le séminaire annuel de lancement a été organisé les 26 et 27 septembre à Nantes et les échanges ont été riches entre tous les salariés du SYSAAF. Marion Charrier, Jonathan D'Ambrosio et Ronan Griot ont fait un point sur leur travail de thèse (Principaux objectifs et finalités de leurs travaux de recherche, Résultats acquis), qui a été suivi d'un temps d'échange avec l'assistance. Le séminaire fut aussi l'occasion de faire le point sur les activités réalisés tout au long de l'année dans le cadre des différentes transversalités et de se projeter sur l'année à venir (2018/2019). Un temps plus long a été accordé pour une discussion relative à la Démarche Qualité (TDQ) afin de préciser et prioriser les actions que Frédérique Renard-Dewynter, nouvellement recruté à ce poste, devait mettre en œuvre, en particulier la mise en place de la GED. À l'issue de ces échanges, les objectifs de chacune des transversalités ont donc été redéfinis. Une 10aine de thématiques émergentes potentielles, justifiant dans un premier temps des interactions entre des personnes ressources mobilisables (PRM) ont aussi été identifiées. Ce séminaire fut aussi l'occasion d'un moment de détente, avec la découverte et la visite des Machines de l'île à Nantes et un dîner-croisière sur l'Erdre en soirée ; des moments partagés comme toujours bénéfiques à la qualité des interactions sociales et la cohésion du groupe.





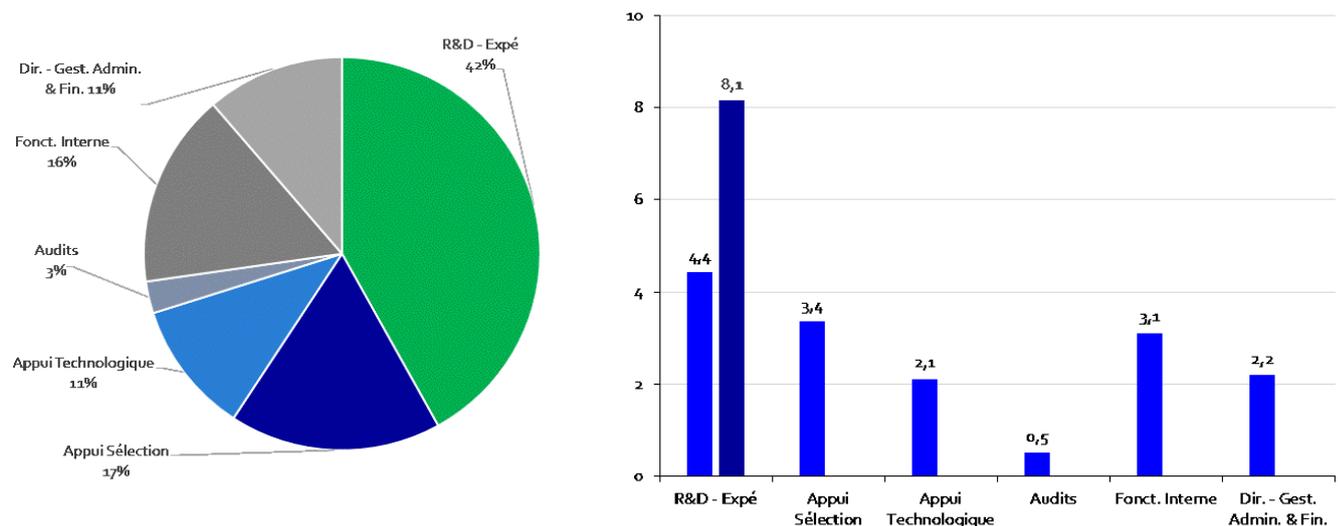
2-3-4 Une démarche qualité

Mme Amélie Bailliard, pour convenances personnelles, a quitté ses fonctions de Responsable de la Transversalité Démarche Qualité et Audits au 30 juin 2018 après quatre années passées au sein du SYSAAF. Mme Frédérique Renard-Dewynter occupe le poste depuis le 27 août 2018.

Le volume horaire de cette transversalité représente l'équivalent d'un ½ ETP en 2018. Les principales tâches ont été la mise à jour et la maintenance de l'OGT 2018 et 2019, le suivi et l'approbation des procédures utilisées dans les différents services du SYSAAF, un travail prospectif sur les outils de communication et le déploiement et la maintenance de l'outil de Gestion Électronique des Données (GED) début 2019.

L'Outil de Gestion du Temps (OGT) qui est fonctionnel depuis 2015 permet de calculer automatiquement les temps de travail exprimés en heure et en pourcentage de chaque agent pour chaque activité, par jour, semaine ou mois, avec des récapitulatifs mensuels et/ou annuels. Les versions successives de cet outil ont beaucoup évolué. Celle de 2018, en intégrant la possibilité de gérer les congés, les RTT et les récupérations, en ne complétant qu'un seul outil, n'a pas dérogré à cette règle. Des systèmes d'autocontrôles sont mis en place pour alerter les agents en fonction du remplissage du temps de travail journalier (<7.6 ou >10h). Les temps mensuels de l'ensemble des agents 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. (Figures 7). Il permet aussi une analyse plus fine, outil indispensable pour justifier des temps de travail dans les programmes d'expérimentation et projets divers auprès de nos financeurs et des services fiscaux (CIR). Cet outil a aussi permis de faire évoluer la tarification de l'appui technique spécifique apporté aux adhérents, en fonction de sa nature et de son degré de complexité. Depuis le 1^{er} janvier 2019 l'ensemble des salariés CDI et MAD du SYSAAF, utilisent la version V4 OGT 2019.

Figure 7 : Répartition annuelle des activités et nombre d'ETP (19.4 ETP dont 1 MAD, 15 CDI et 4 CDD) par activité du personnel permanent (CDI & MAD) et temporaire (CDD) du SYSAAF en 2018.



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

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

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

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

2-3-6 Une gestion des risques professionnels

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

2-4 Ressources financières

2-4-1 Budget annuel 2018

Le budget 2018 est quasi à l'équilibre puisque déficitaire de 1.875€ pour un résultat d'exercice d'un montant de 1.920.421 € (Figures 10 & 11). Celui-ci est en augmentation de plus de 20% par rapport à 2017 qui lui-même était déjà en augmentation de 30% par rapport à celui de 2016. Ce résultat résulte, outre d'une augmentation du soutien dans le cadre du programme CAS-DAR 775 (> à 422586€, vs 346.652€ en 2015, 384619€ en 2016 et 401.457€ en 2017), d'une croissance importante des produits associés aux programmes expérimentaux (> à 600 K€) et d'un montant élevé du CIR sollicité au titre de 2018 (> à 400 K€). Comme en 2017, le montant du CIR résulte du cumul de deux effets d'aubaine puisque le SYSAAF a (1) recruté plusieurs salariés titulaires de thèse dont c'était le 1er CDI et (2) n'a encore perçu que peu de recettes, au regard des dépenses réalisées sur les programmes expérimentaux bénéficiant de financements et les recherches conduites sur fonds propres en l'absence de financement externe. Ce constat signifie aussi que le montant du CIR sera impacté dans les prochaines années par ce décalage entre les charges et les produits. C'est d'ailleurs la raison pour laquelle notre commissaire aux comptes a souhaité que soit provisionné un montant d'environ 224 K€. A noter, une importante augmentation de 25% des frais de personnel, correspondant à un montant d'environ 200K€ qui résulte de la croissance du nombre de salariés CDI et CDD. Le coût global de la main d'œuvre impliquée dans les programmes de R&D d'un montant d'environ 350K€ est également en forte augmentation (224K€ en 2017). Comme les années précédentes, cette ligne programmes expérimentaux est déficitaire pour un montant d'environ 27K€.

Ce résultat est logique puisque les programmes expérimentaux ne sont que rarement financés à 100%.

Figure 10 : Répartition des charges et produits des budgets 2017 et 2018 du SYSAAF.

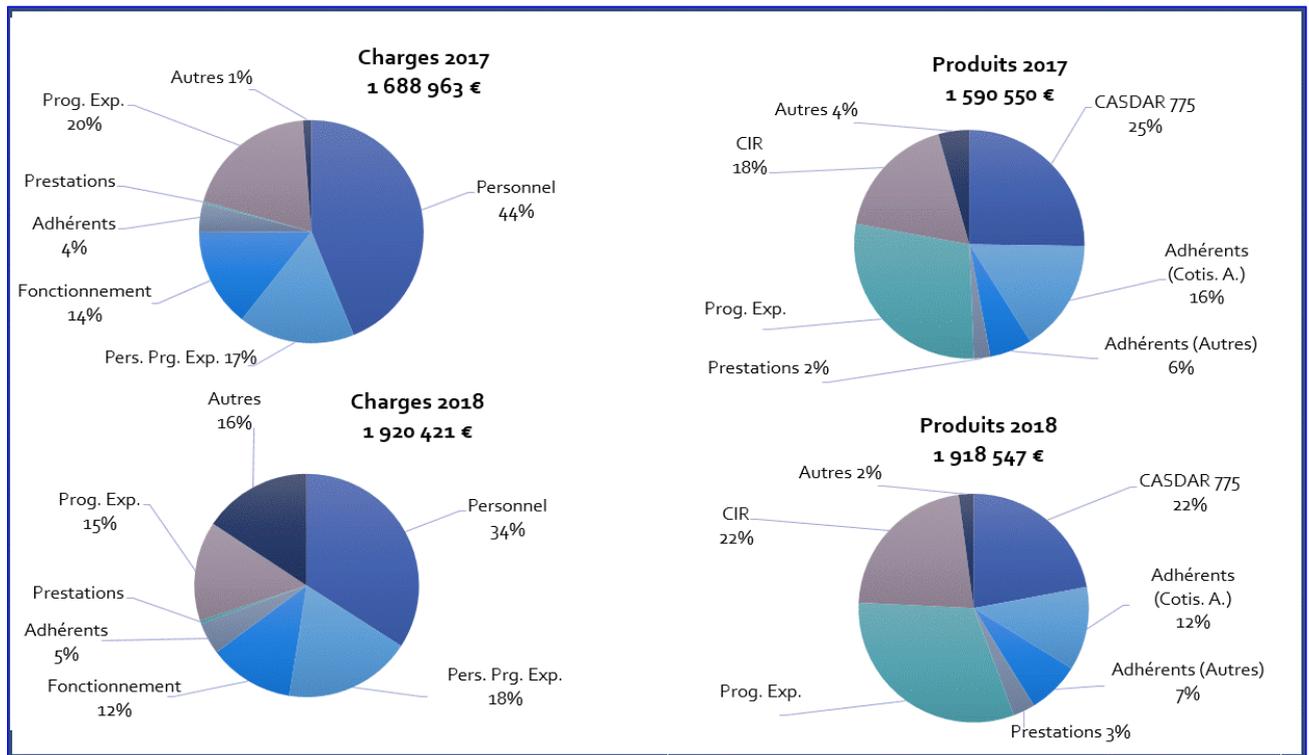
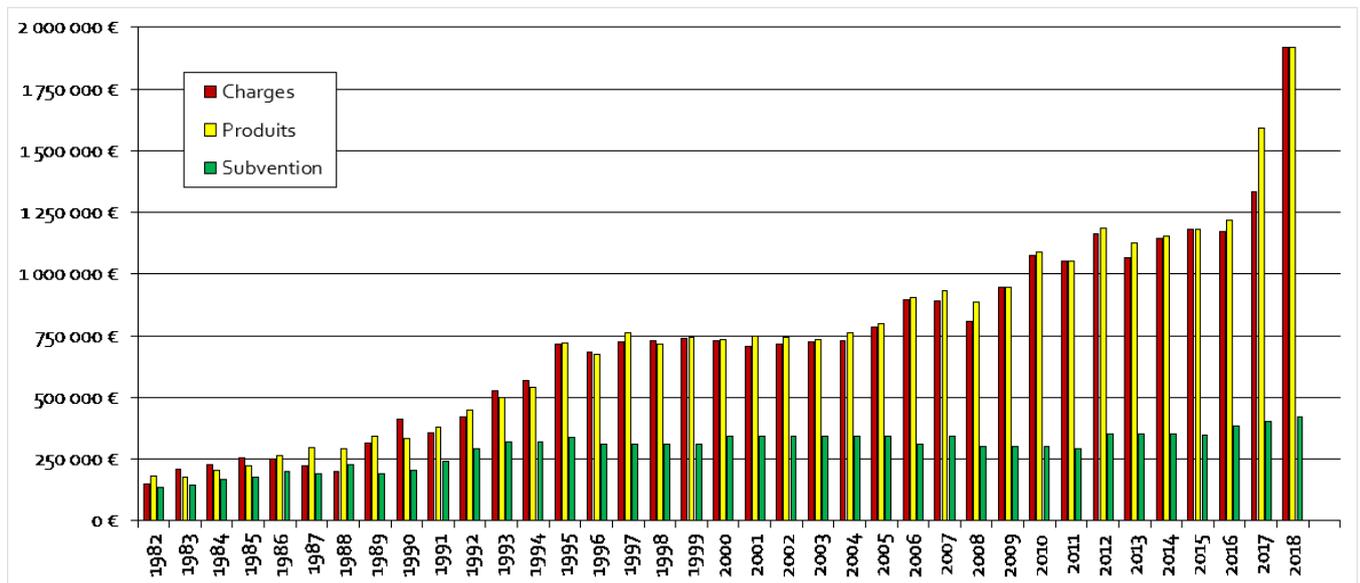


Figure 11 : Evolution des budgets annuels du SYSAAF depuis 1982 et du soutien financier perçu annuellement dans le cadre de l'enveloppe Génétique Animale.



La trésorerie disponible au 31 Décembre 2018 est positive de 431.123€, néanmoins en diminution de 205.176€ par rapport à celle disponible au 31 Décembre 2017 qui était pour mémoire d'un montant de 636.299€ (Figures 12 & 13). Il faut néanmoins tenir compte du fait que le 1^{er} versement de la subvention annuelle dans le cadre du programme CAS-DAR 775, correspondant à environ 120K€ n'avait pas encore été versé. Il faut par ailleurs se remémorer que certains adhérents aquacoles ont fait un acompte d'un montant global de 368.409€ au SYSAAF pour qu'il puisse procéder à l'achat de puces de géotypage dans le cadre des projets SG-Truite et GeneSea financé par le programme FEAMP, en attente de la perception d'un premier versement qui ne peut être sollicité qu'après un

délai de 12 mois et à condition d’avoir globalement atteint le seuil de 30% de dépenses. Sans cet acompte, la trésorerie du SYSAAF aurait été négative à partir du mois de juin et tout le second semestre à l’exception des mois de septembre et décembre. Mois de décembre au cours duquel, le SYSAAF a perçu le versement du CIR de l’année 2017 pour un montant de 282.714€.

Figure 12 : Evolution du solde de la trésorerie en fin d’exercice de 2008 à 2018 (En bleu : Trésorerie incluant une avance pour un montant de 368 409 €).

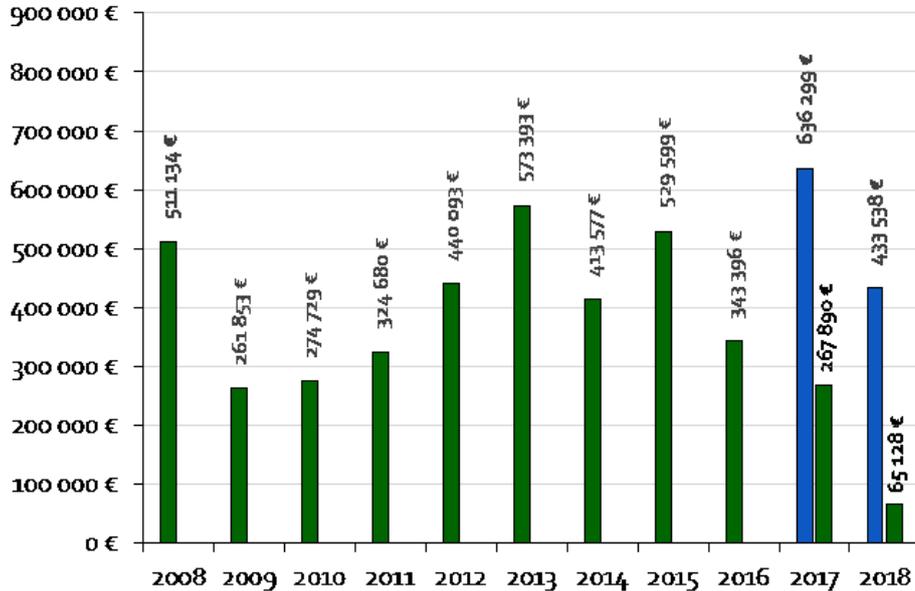
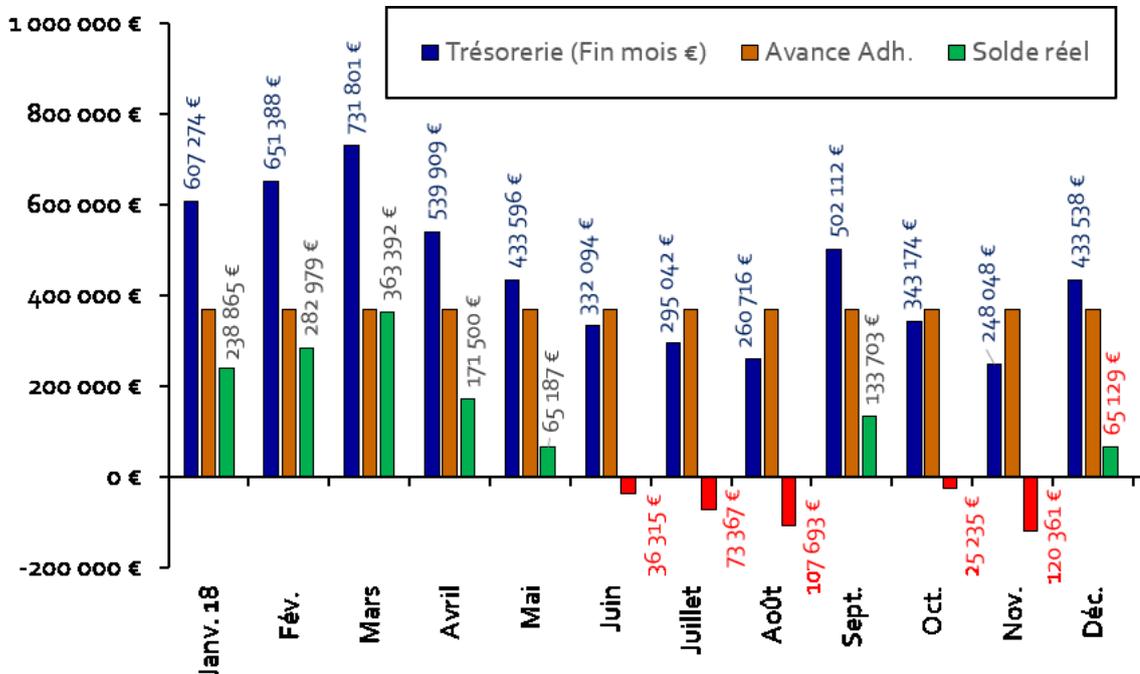


Figure 13 : Evolution mensuelle du solde de la trésorerie en 2008 à 2018 (En bleu : Trésorerie incluant une avance pour un montant de 368 409 €).



L’activité sous-jacente des agents du service administratif pour l’établissement des comptes 2018 représente 4471 écritures comptables (3634, 3898 & 3008 en 2017, 2016 & 2015) et 276 comptes mouvementés (242, 241 & 214 en 2017, 2016 & 2015), soit respectivement des augmentations de 49% et 26% en 4 ans. Ce constat est une illustration si besoin est de l’augmentation du volume globale des activités des services administratifs et financiers (Cf. Annexe 10).

2-4-2 Tarifs des prestations aux adhérents en 2018

Correspondant à 19% des recettes en 2018, les contributions des adhérents sont constituées pour environ 60% des cotisations annuelles et des frais de lignées, dont les montants sont fixés annuellement lors de l'assemblée générale pour l'année n+1. Depuis 2014, les montants des cotisations annuelles qui sont différentes selon le secteur d'activité (Avicole ou aquacole) sont stables. A contrario, afin d'établir une certaine équité entre les adhérents en tenant compte du temps passé en terme d'appui technique, des révisions régulières des modalités de facturation et des coûts facturés à la lignée et par conséquent à la session de traitement pour le secteur avicole, ou la typologie du programme de sélection pour le secteur aquacole, ont été appliquées depuis cette date. Une analyse réalisée en 2018 sur les données de facturation de l'année 2017, selon les mêmes modalités que l'année précédente confirme que l'objectif d'équité entre les adhérents n'est pas atteint dans chacun des secteurs. Pour y concourir, il est nécessaire d'augmenter le coût de facturation des prestations les plus chronophages, sachant qu'il n'y avait pas précédemment de tarif spécifique pour la sélection génomique quel que soit le secteur. De ce fait, il est décidé d'augmenter le coût de facturation des sessions de traitement de la catégorie C (15 caractères ou plus) et d'en fixer une spécifique pour la catégorie D (Sélection Génomique) dans le secteur avicole. De la même façon, il est décidé pour le secteur aquacole de fixer des tarifs pour la sélection génomique, ainsi que pour les traitements de choix de candidats destinés à faire de la multiplication, actuellement non facturés. Ces nouvelles tarifications prendront effet en 2019 selon les modalités suivantes :

Secteur avicole : La facturation d'une lignée pour le secteur avicole inclut un forfait lignée de base et une facturation à la session de traitement. Le montant du forfait lignée de base (X) est d'un montant de 150€ depuis 2017 et restera stable pour l'année n+1 (2019), même s'il est révisable annuellement. Une session correspond à un traitement de données, incluant le calcul de valeurs génétiques et la réalisation de choix (nombre de sessions = N). La nature et le nombre de caractères à traiter sont également pris en compte. Les caractères peuvent être continu ou discret (C ou D) et sont répartis en 3 classes selon leur nombre [<7 , ≥ 7 & <15 ou ≥ 15]. Une 4^{ème} tarification correspondra à la sélection génomique. Avec l'intégration des données génomique dans la chaîne de traitement Koala, il est plus aisé d'établir un bilan annuel du nombre de sessions réalisées et de connaître le nombre et la nature des caractères traités.

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

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

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

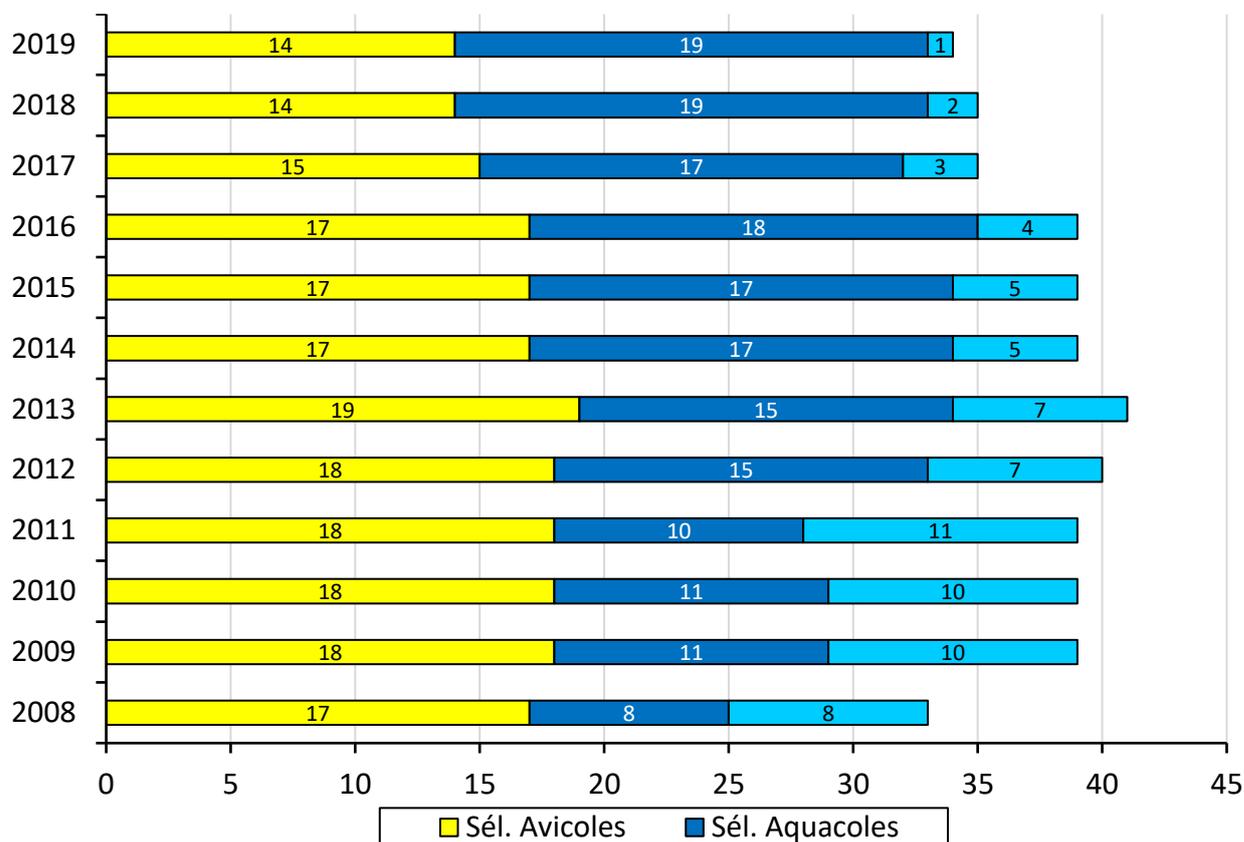
- ✓ Sélection massale (**1320 € en 2018 & 2019**) : = XaqS € (Tarification de base)
- ✓ Sélection massale assistée par empreintes génétiques : = $1,5 \times XaqS$
- ✓ Sélection généalogique avec BLUP ou Choix multiplication : = $2 \times XaqS$
- ✓ Sélection génomique: = $3 \times XaqS$
- ✓ Lignée écloseur (**850 € en 2018 & 2019**): = XaqE

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

2-5 Adhérents

Les listes d'adhérents et des espèces qu'ils sélectionnent en 2018, ainsi que l'historique des adhésions depuis 1991, année au cours de laquelle le SYSAF est devenu le SYSAAF en intégrant une 1^{ère} espèce piscicole, la truite arc-en-ciel, sont rapportées dans les tableaux 3 et 4. Les coordonnées des adhérents, allant de la filiale de multinationale à l'association de sauvegarde de race locale ou de restauration écologique, en passant par des PME et TPE, sont rapportées en annexe de ce rapport (Cf. Annexes 1 [secteur aquacole] & 2 [secteur avicole]).

Figure 14 : Évolution du nombre d'adhérents au SYSAAF depuis 2008



Le SYSAAF comptait 33 adhérents actifs et à jour de leurs cotisations lors de l'AG 2018, soit 19 adhérents pour le secteur aquacole et 14 pour le secteur avicole (Figures 13 à 15, Tableaux 3 et 4). Le nombre d'adhérents est un indicateur d'activité du SYSAAF qui peut bien entendu être sensible à la qualité de l'appui technique apporté, néanmoins celui-ci est également sensible à d'autres facteurs de contexte dont en premier lieu la conjoncture économique souvent à l'origine de procédures de fusion-acquisition et de rachats éventuels. Il en résulte une concentration des entreprises de sélection au sein de grands groupes internationaux qui est très perceptible au sein du SYSAAF, notamment dans le secteur avicole. Ainsi ce ne sont pas moins de 8 structures qui sont filiales de tels groupes internationaux, 3 pour les groupes Grimaud et Hendrix-Genetics et 1 pour chacun des groupes Aviagen et LDC, représentant plus de la moitié des adhérents du secteur avicole. Par ailleurs, la SAS Caringa, une filiale du groupe Hendrix-Genetics, n'ayant plus d'activité de sélection-accoupage, ses activités de sélection de lignées non-conventionnelles de dindes et de pintade ont été transférées à la société Hendrix-Genetics Turkeys France (HGTF) en 2018. Dans une moindre mesure, cette tendance est également perceptible pour les adhérents du secteur aquacole puisque si elles ne représentent aujourd'hui qu'un quart des adhérents du secteur, 5 entreprises adhérentes du secteur aquacole sont filiales des groupes leaders au niveau national que sont Aqualande (3) et Gloria Maris (2). Dans ce contexte de concentration, le nombre d'adhérents ne peut logiquement que décroître, néanmoins cette tendance est contrebalancée par des demandes d'adhésion pour un appui

technique à la sélection de nouvelles espèces, comme actuellement pour différentes espèces de mollusques, de crevettes, ou encore d'insectes.

Concernant les races locales de volailles, la mise en application effective de la mesure PRM-A au profit des collectifs gestionnaires de races locales de volaille menacées d'abandon pour l'agriculture est effective dans plusieurs des Régions ayant inscrit cette mesure dans leur PDR ; néanmoins le versement des financements tarde. Des certificats de conformité ont été établis pour une 15aine de races locales par la responsable audit du SYSAAF. La mise en œuvre de la PRM-A apparaît néanmoins encore problématique dans plusieurs Régions ; mais sur le point d'aboutir dans la Région Centre, alors que d'autres comme la Bretagne et la Normandie préfèrent lui substituer une aide directe, sans doute par méconnaissance des modalités du dispositif mis en place qui est spécifique aux volailles et relativement simple à mettre en œuvre. Par ailleurs, des contacts sont en cours avec ses collectifs de sauvegarde des régions Normandie et Hauts de France pour un appui technique à mise en œuvre effective de programme de gestion généalogique, qui pourraient être initié en 2019 ou 2020.

Le nombre d'adhérents du secteur aquacole est passé de 19 à 21 après validation les demandes d'adhésion de la SAS Mascareignes Services, filiale à 100% du groupe Océinde, et de la Société OSO Farming, filiale à 100% de la SAS R&O Seafood Gastronomy, pour assurer pour ces deux entreprises à un appui technique pour la crevette tigre (*Penaeus monodon*), lors de l'AG. Il n'était plus que de 20 adhérents fin 2018, avec le départ de la société Pisciculture Font-Rome qui a optée pour une suspension temporaire. Par ailleurs, la DRMM (Direction des Ressources Minières et Maritimes) qui bénéficie d'un appui technique du SYSAAF au nom des instances gouvernementales de la Polynésie Française, pour un appui à la sélection de populations polynésiennes de crevettes bleues gérées sur le site de l'écloserie du Centre Technique Aquacole (CTA) VAIA de Vairao, a également sollicité le SYSAAF pour un audit de sa filière d'huitre perlière. Le SYSAAF apporte également un appui technique récurrent ou ponctuel à des entreprises étrangères du secteur aquacole.

Le SYSAAF a par ailleurs fait l'objet de sollicitations au cours du 2nd semestre de 2018 pour des demandes d'adhésion concernant la crevette à patte blanche [*Penaeus vannamei*] par la société Blue Genetics, filiale du Groupe Grimaud et, plus surprenant, pour la mouche soldat noire [*Hermetia illucens*] par la société InnovaFeed. Celle-ci seront présentées pour validation lors de l'AG 2019.

Répartition des 34 adhérents du SYSAAF, au 1 Janvier 2019 :

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

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

- 19 sélectionneurs : 8 d'espèces piscicoles dulçaquicoles (7 SAS), 4 piscicoles marines (3 SAS, 1 SCEA), 4 conchyliques [3 ostréicoles (3 SAS) & 1 ormeau] et 3 crevetticoles (1 Asso.),
- 1 écloreuseur : 1 (Asso) pour l'activité de repeuplement-restauration écologique d'une espèce piscicole dulçaquicole (Saumon Atlantique).

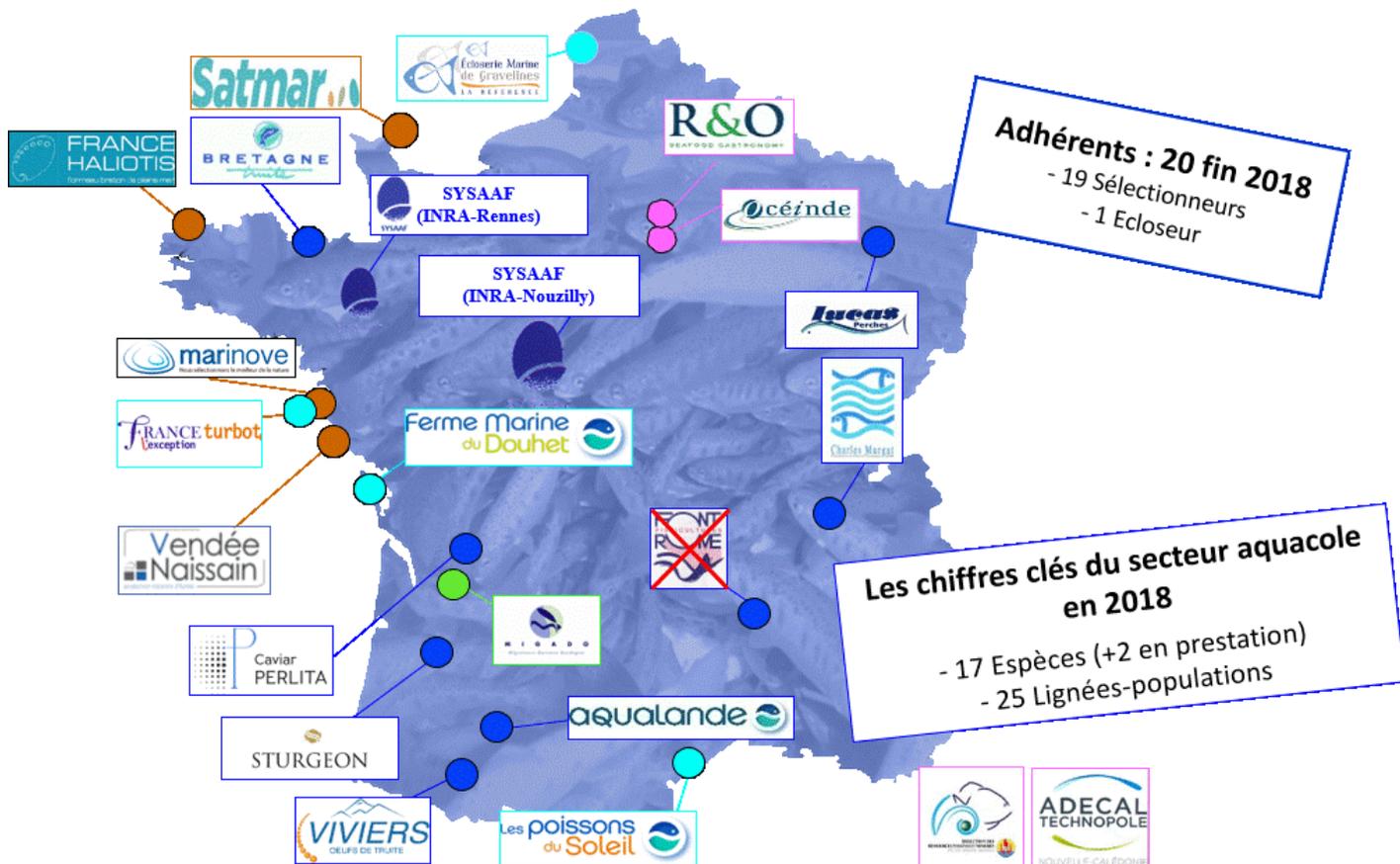
Se répartissant donc en :

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

Figure 15 : Localisation (siège social) des entreprises avicoles adhérentes au SYSAAF en 2018



Figure 16 : Localisation (siège social) des entreprises aquacoles adhérentes au SYSAAF en 2018



2-6 Espèces

Le SYSAAF assure une mission d'appui technique à l'amélioration et la gestion des ressources zoogénétiques et aux biotechnologie de la reproduction dans le cadre d'une délégation de mission de la part de l'ITAVI (Arrêté du 31 juillet 2007) pour une liste restrictive d'espèces (Tableau 2). Début 2018, cette délégation concernait une liste positive de 47 espèces (Tableau 2), qui a été portée à 49 après qu'une demande d'extension pour 2 nouvelles espèces a été validée lors de la CNAG du 23 Octobre 2018. Cette dernière demande d'extension de la liste des espèces concernait une espèce de crevette, la crevette tigre, ainsi qu'une espèce d'insecte, la mouche soldat noire, deux espèces pour lesquelles le SYSAAF a fait l'objet de demandes d'appui technique. Ces 49 espèces ne font pas toutes aujourd'hui l'objet de programmes de sélection généalogique, mais cette démarche permet de porter à la connaissance du Ministère, les espèces pour lesquelles des populations font l'objet de programmes de domestication et sont susceptibles de faire l'objet de programme de sélection à brève échéance. En 2018, ce sont des populations de 13 espèces, sur 19 faisant l'objet de programmes de sélection génétiques effectifs, qui ont fait l'objet d'activités de traitement de données au SYSAAF en 2018 (9 espèces avicoles et 4 aquacoles).

Cette démarche de demande de reconnaissance a par ailleurs permis d'anticiper les implications potentielles de la loi sur la biodiversité, ainsi de la mise en place de l'APA (Accès aux Ressources Génétiques et Partages des Avantages) au niveau Européen et de sa déclinaison au niveau national, pour les espèces qui n'ont pas le statut d'espèces ou variétés d'espèces domestiques. De fait, aucune des espèces aquacoles pour les lesquelles le SYSAAF apporte actuellement un appui technique ne figure pas sur les listes officielles d'espèces domestiques. En conséquence, celles-ci pouvaient de facto être considérées comme sauvages. Cette problématique a fait l'objet de nombreux échanges entre le SYSAAF, la DGPE (MAA) et la DPMA (MEDDE, puis MAA) et a minima la notion de populations domestiques d'espèces sauvages devraient être retenue pour l'ensemble des espèces figurant sur cette liste.

Le nombre de lignées pures ou populations par adhérent est de 1 ou 2 pour les espèces aquacoles et en moyenne de 8 pour les espèces avicoles. Globalement, 113 lignées ou populations (94 lignées avicoles [Dont 27 de races locales] & 19 populations aquacoles] ont fait l'objet d'un suivi en 2018, dont 98 ont fait l'objet de traitement de données pour une sélection généalogique avec connaissance des pedigrees individuels permettant d'utiliser le BLUP pour traiter les données. La gestion des lignées en sélection généalogique consiste à faire des tris successifs sur une ou plusieurs cohortes, le calcul des paramètres génétiques, (Indexation des candidats), le choix des reproducteurs de la génération N+1 permettant de gérer le niveau d'apparentement moyen des candidats et le choix des plans d'accouplements en tenant compte de l'apparentement permettant de gérer la consanguinité des descendants. Les données des individus de chaque lignée font donc l'objet de 1 à 4 sessions de traitements à chaque génération, la moyenne étant de 2,7 pour les lignées avicoles. La fréquence est fonction de l'intervalle de génération des espèces et du mode de conduite des programmes de sélection, c'est-à-dire du nombre de cohortes ou lots constituant une lignée.

- **Espèces aquacoles : 17 espèces aquacoles** présentes chez nos adhérents font l'objet de protocole de sélection, auxquelles il faut en adjoindre plusieurs autres dans le cadre d'une prestation spécifique externe. Dans ce contexte, le SYSAAF gère **25 lignées aquacoles pour ses adhérents, dont 8 en sélection généalogique avec utilisation du BLUP et 5 en massale intrafamiliale assistée par assignation de parenté** en 2018. **4 lignées de trois** espèces aquacoles présentes chez nos adhérents ont fait l'objet de traitements BLUP ou GBLUP (Sélection génomique) en 2018. Les animaux des espèces aquacoles sont normalement utilisés en lignée pure pour la production des produits commerciaux.

- **Espèces avicoles : Des données de 9 espèces avicoles** appartenant à 13 adhérents différents ont fait l'objet d'au moins un traitement en 2018. 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.a.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 47 par espèce au SYSAAF, avec une moyenne de 11,25. L'espèce *Gallus* représente environ 50% des lignées traitées au SYSAAF dont les objectifs de sélection diffèrent. Indépendamment de l'espèce, 20% des lignées ont une orientation ponte et 80% chair. Globalement, ce sont 292.615 nouveaux individus, correspondant à 2.009.775 nouvelles données phénotypiques qui ont fait l'objet d'enregistrement dans la base de données avicole SYSAAF en 2018.

Si les évolutions du nombre d'espèces concernées et du nombre de lignées ou races traitées sont des indicateurs importants de l'activité du SYSAAF au regard de sa mission, il faut néanmoins prendre en considération de nombreuses autres variables pour l'apprécier, en particulier le nombre et la nature des caractères traités (Cf. 3-1-1). Le travail réalisé ne relève en aucun cas d'une activité de routine avec utilisation de programmes informatiques associés à des pondérations préétablies, mais bien d'une activité de recherche et développement, avec une prise en considération des spécificités correspondant à des objectifs de sélection différents à chaque génération pour chacune des lignées.

Figure 17 : Évolution du nombre de lignées suivies annuellement par le SYSAAF depuis 2008

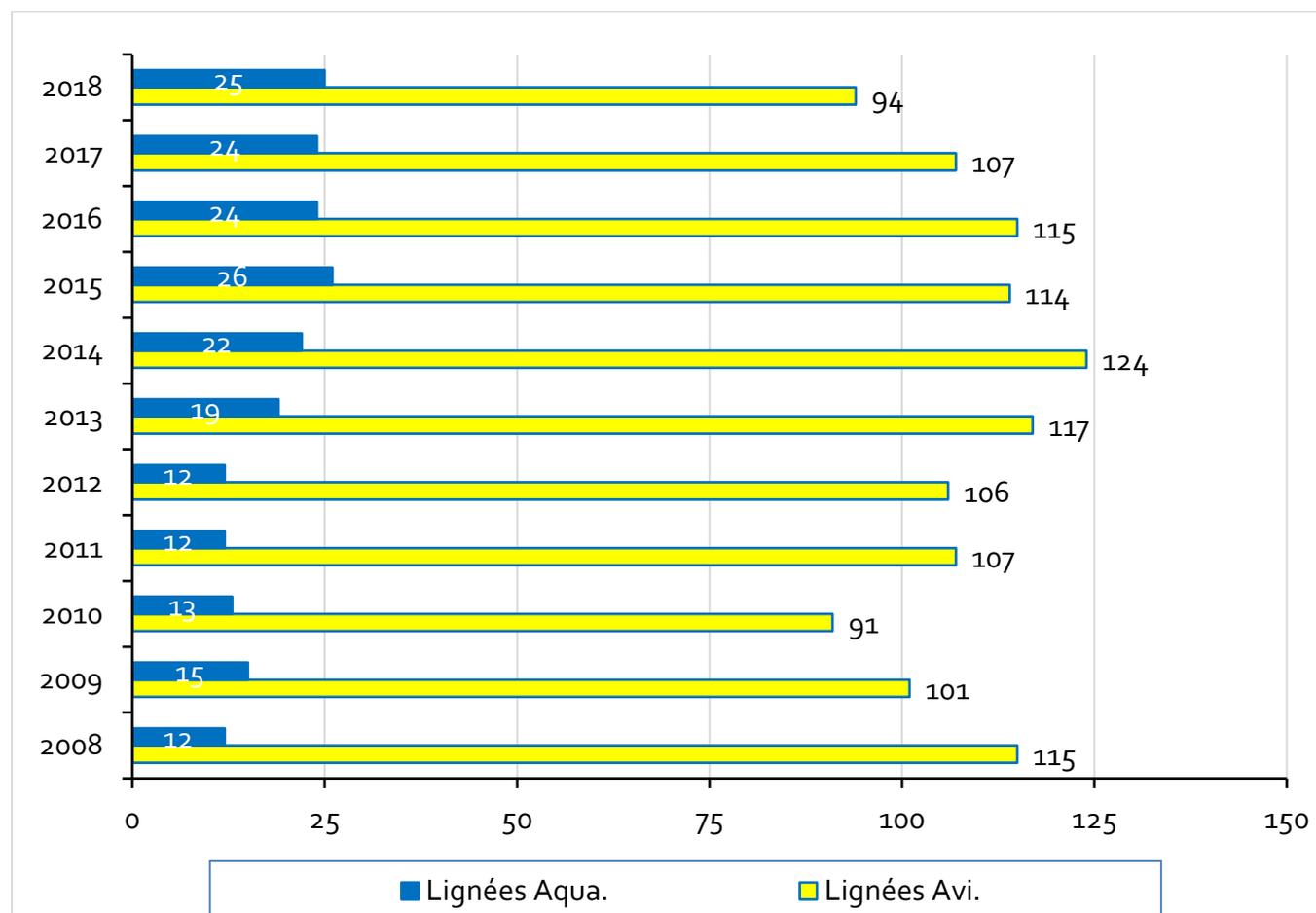


Tableau 3 : Liste des structures adhérentes au SYSAAF et domaine spécifique d'activités en 2018.

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



• Palmipèdes :

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



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



• Gibiers : faisán, perdrix rouge.



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



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



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



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



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

Adhérents	Espèce(s)	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019			
3A	Truite Arc en Ciel					?						?																					
ADECAL (Nouvelle Calédonie)	Crevette bleue																																
Alpes Aquaculture	Truite Fario						?																										
Aqua.Etude.Indust	Silure, Carpe						?																										
Aqualande - Les Sources de l'Avance	Truite Arc en Ciel																																
Aquamay	Ombline																																
Aqua. Ouest	Truite Arc en Ciel						?											?															
EM Gravelines	Bar																						?										
Aquanord EMG-Icthus	Bar																																
CNSS	Saumon Svg																																
ELSAMER	Truite Fario																																
Sturgeon (Eclos. de Guyenne)	Esturgeons sibérien & guldenstati																																
Caviar Perlita (Esturgeonnière)	Esturgeon sibérien																																
DRM (Polynésie)	Crevette bleue																																
Ferme Marine du Douhet	Bar, Daurade																																
France Turbot Icthus	Turbot																																
France Turbot	Turbot																																
	Huitre																																
Marinove	Huitre creuse																																
Mascareignes Services (Océinde)	Crevette Tigre																																
FD29	Truite Fario																																
FDAAPPMA 06	Truite Fario																																
France Haliotis	Ormeau																																
Génocean - Graineocean	Huitre creuse																																
Lucas-Perches	Perche																																
MIGADO	Saumon Svg																																
Pisciculture Murgat	Truite Arc en Ciel, Truite Fario, Omble alpin-fontaines																																
Milin-Nevez (AB)	Truite Arc en Ciel																																
Novostrea	Huitre creuse																																
P2M (Monaco)	Bar (Loup), Daurade																																
Pisc. Font Rome	Truite Arc en Ciel																																
Pisc. Menaouen	Truite Arc en Ciel							?										?															
Les Poissons du Soleil	Maigre, Bar (Loup)																																
Salmonidés D'Aquitaines	Truite Fario																																
	Truite Arc en Ciel																																
R&O Seafood Gastronomy (SAS)	Crevette Tigre																																
SATMAR	Huitre creuse, Palourde																																
SODABO	Huitre creuse																																
SF Conchylicole	Huitre creuse																																
Sparus																																	
Vendée Naissain	Huitre creuse																																
Viviers de France	Truite Arc en Ciel					?																											
Viviers de Sarrance	Truite Arc en Ciel																																
Sélectionneurs		5																								12	17	17	18	18	19	19	
Eclosseurs - Gestionnaires de Population		1																								10	5	5	4	2	2	1	
Nombre d'Adhérents (Actifs)		6																								22	22	22	22	20	21	20	
Nombre d'espèces faisant l'objet de traitements		2																								11	12	12	14	15	17	17	
Adhérents actifs	Piscicoles Eaux Douces	6																								8	8	8	9	8	9	8	
	Piscicoles marines	0	<i>Cessation d'activité avec reprise</i>																						5	5	6	4	4	4	4		
	Restauration Ecologique	0	<i>Cessation d'activité sans reprise</i>																							3	2	2	2	1	1	1	
	Conchylicoles	0	<i>Suspension</i>																								7	7	6	7	4	4	4
	Crevetticoles	0																									0	1	1	1	1	3	3
		1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019			

III - Missions et Activités de R&D du SYSAAF

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

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

La qualité de l'expertise du SYSAAF repose sur les compétences de ses ingénieurs qui sont mises à jour dans un processus de formation continu par renouvellement des connaissances en réalisant une veille bibliographique et en participant à des congrès scientifiques, mais en premier lieu au travers d'interactions fortes avec les acteurs de la recherche dans le cadre de co-construction et réalisation de projets de R&D. Concrètement, les ingénieurs du SYSAAF, au nombre de 13 en 2018, auxquels il faut ajouter 4 thésards bénéficiant de financements CIFRE, ont été impliqués dans une 30^{aine} de programmes de R&D à vocation finalisée en 2018, pour la réalisation desquels ils ont joué des rôles de coordinateur, porteur ou partenaire. Les chercheurs des équipes de recherche de l'INRA (Institut National de la Recherche Agronomique) occupent une place de choix dans ce partenariat, qui est conforté par l'existence d'un contrat cadre de collaboration entre nos structures, ainsi que de nombreuses conventions spécifiques. C'est dans ce contexte, que l'unité GABI du Centre INRA de Jouy-en-Josas est laboratoire d'accueil de deux salariés recrutés par le SYSAAF et bénéficiant de financements CIFRE pour réaliser leur thèse. Nos collaborations avec les chercheurs de l'Ifremer et de l'ANSES s'inscrivent également dans des cadres contractuels de partenariat. Dans ce contexte, une ingénieure du SYSAAF est accueillie dans l'Unité de Pathologie Virale des Poissons de l'ANSES sur le site Ifremer de Plouzané pour coordonner la réalisation d'expérimentations de phénotypage pour la résistance à des pathogènes chez les espèces piscicoles, au sein de la plateforme expérimentale Fortior-Genetics. Nos interactions avec d'autres équipes de chercheurs du CNRS, du Muséum, du CIRAD, d'IRSTEA, de laboratoires universitaires, ou encore d'écoles d'ingénieurs donnent également lieu à de nombreuses collaborations dans le cadre de programmes de recherche avec établissement de conventions spécifiques. Le SYSAAF, en partenariat avec l'ITAVI, l'INRA et l'ITAB, est également membre de l'UMT-Bird 3 (Unité Mixte Technologique - 2017-2021), dont les thématiques concernent les systèmes de production avicole. Les interactions avec des organismes de recherche étrangers sont également en nombre croissant et s'inscrivent majoritairement dans le contexte de programmes de recherche bénéficiant de soutiens Européens H2020, au nombre de 4 en 2018, sachant que 4 supplémentaires ont été soumis et 3 acceptés depuis avec des démarrages prévus en 2019.

Au-delà des interactions avec les chercheurs des organismes de recherche, l'opérationnalité du SYSAAF dans les processus d'innovation est tributaire de partenariats avec des structures de développement spécialisées, constituant un réseau informel de plateformes techniques pour nos adhérents : ThermoFisher-Affymetrix pour le développement de puces de génotypage, Labogena DNA, la Plateforme INRA Gentyane, ou encore les entreprises Xelect et Eurofins pour le génotypage, les plateformes INRA Get-Plage et SIGENAE pour le séquençage et la bio-informatique, un laboratoire CNRS de l'Université de Montpellier pour du séquençage en Rad-Seq, la Cryobanque



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

Les résultats acquis dans ces programmes de R&D font l'objet d'une centaine de communications annuelles sous la forme de présentations lors de journées techniques du SYSAAF, de journées professionnelles et de congrès scientifiques, ainsi que de publications scientifiques et d'articles de vulgarisation dont 16 articles à comité de lecture (soit 75% d'augmentation en 3 ans !) (Annexe 1). Les objectifs de transfert sont atteints via une démarche top-down de mise en application directe des résultats acquis en interne au SYSAAF et/ou chez nos partenaires.

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

1-La préservation du patrimoine génétique (T1),

2-Le développement et l'optimisation d'outils et méthodes de sélection avec pour 1^{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 internalisés ou externalisés.**

En raison de la spécificité des objectifs de sélection des acteurs, les activités de recherche-développement conduites en 2018 par le SYSAAF sont très diverses puisque leur réalisation s'inscrit dans plus d'une 30^{aine} de programmes. Ces programmes qui en raison de leur nombre, ne peuvent pas faire l'objet d'une présentation exhaustive, sont selon les cas être réalisés en interne, en conditions contrôlées dans des unités expérimentales des organismes de recherche ou en conditions de production commerciale chez nos adhérents dans le cadre de collaboration. Les programmes de recherche peuvent être réalisés sur fonds propres (SYSAAF et/ou adhérents partenaires) et/ou bénéficier de financements publics. Ceux-ci sont identifiés dans le texte par leur acronyme et la liste, ainsi que des fiches spécifiques, sont rapportées en annexe (Annexe 2).

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

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

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

3-1-1 Sélection génétique

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

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

- remonter les généalogies et performances collectées sur le terrain, dans la base de données SYSAAF **(1, 2 & 3)**,
- valider les données 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 18 : 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 2018, ce sont 14 entreprises avicoles et 3 structures aquacoles qui ont fait appel à ce service, pour un total de 94 lignées (90 avicoles [Dont 27 de races locales], 4 aquacoles) de 13 espèces différentes. La périodicité à laquelle les traitements de données pour une lignée donnée sont réalisés dépend du cycle biologique de l'espèce et du rythme de sélection mis en place par le sélectionneur concerné. Dans le secteur avicole, l'intervalle de génération est de 6 mois pour la caille, à 24 mois pour l'oie, le rythme de renouvellement étant le plus souvent annuel. Il est très variable pour les espèces aquacoles, généralement compris entre 2 à 7 ans, mais seulement de 9 à 12 mois chez les crevettes. En raison du nombre de lignées et de l'obligation de faire des tris associés à des choix successifs, des analyses de données sont donc réalisées en continu et ce sont plus de 260 sessions de traitements qui ont été réalisées en 2018. Dans le secteur avicole, les 90 lignées se répartissent en 4 catégories correspondant aux conditions de facturation. Il est intéressant de constater que si la catégorie A était encore majoritaire en 2014, puis la catégorie B, elles ne représentent plus qu'un tiers des lignées chacune aujourd'hui. Une évolution qui va se poursuivre et qui illustre la complexification du besoin d'expertise sollicité auprès des agents du SYSAAF ; les catégories B, C et D correspondant graduellement à des traitements plus complexes et chronophages. Le nombre moyen de sessions par lignée avicole est de 2,7 et compris entre 1 et 6 ; nombre correspondant à autant de stades de choix-sélection de candidats futurs reproducteurs. Compte tenu du nombre de lignées sélectionnées, des espèces variées et des cycles appliqués, une planification préalable rigoureuse est nécessaire pour s'assurer de la disponibilité des agents du SYSAAF. **Au-delà de la planification, même si nous entendons bien que les aléas puissent être nombreux, le respect ultérieur par les adhérents des plannings transmis est donc une condition sine qua non de l'efficacité et de la qualité du travail de recherche et développement réalisé.**

Dans le secteur aquacole, les 19 sessions réalisées en 2018 concernent 4 lignées en sélection généalogique avec utilisation du BLUP ou le GBLUP en sélection génomique pour 2 d'entre. D'autres lignées ont fait l'objet de choix pour une gestion massale intrafamiliale assistée par assignation de

parenté (5) et d'autres sont gérées en sélection massale. Des choix selon des critères spécifiques de reproducteurs destinés à la multiplication, nécessitant la réalisation de sessions de traitements complémentaires complexes, sont également réalisés pour certains adhérents d'espèces aquacoles, et dans quelques cas avicoles.

S'ils 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 à cette occasion qu'émergent de nouvelles demandes d'évolution de l'organisation du schéma de sélection et/ou d'appui technique pouvant nécessiter un travail de simulation et/ou la mise en place de programmes de R&D.

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

Outre, la gestion-sélection de 27 populations de races locales en sélection généalogique en particulier au travers du choix des candidats à la reproduction de la génération N+1 et de la proposition des plans d'accouplements, le SYSAAF a été initiateur d'une démarche, auprès du Ministère en charge de l'Agriculture, pour que ces races puissent bénéficier de financements européens dans le cadre du 2nd pilier de la PAC (Politique Agricole Commune). La démarche initiée a permis de mettre en place la mesure PRM-A au niveau national après activation d'actes délégués dans le cadre du règlement communautaire (N807/2014). La PRM-A mise en place peut permettre aux collectifs gestionnaires des races locales reconnues comme étant menacées d'abandon pour l'agriculture de bénéficier d'un financement dans les Régions qui ont par ailleurs inscrit cette mesure dans leur PDR (Plan de développement Régional). En 2016, le SYSAAF avait largement contribué à finaliser l'élaboration des formulaires de sollicitation du financement et des fiches de contrôle ad-hoc, préalable nécessaire à la mise en œuvre effective de la mesure. La mise en œuvre de la PRM-A apparaît aujourd'hui encore problématique au sein de la plupart des Régions, y compris pour celles qui ont activées la mesure dans leur PDR ; cette mesure leur apparaissant anecdotique et certaines Régions préfèrent lui substituer une aide directe. Néanmoins, de ce fait divers collectifs de races soumettent des projets au niveau régional (Normandie, Haut de France, Grand-Est) et sollicitent le SYSAAF pour ce faire.

Par ailleurs, en s'inspirant de la démarche mise en œuvre pour les productions "Label-Rouge" de volailles, le SYSAAF continue d'émettre des certificats de conformité au Référentiel RefAvi-SYSAAF 2014 après audit, afin que les races susceptibles d'être éligibles à cette mesure puissent en bénéficier. Les associations de races doivent pour cela être en capacité d'attester d'un suivi pedigree de leur cheptel et du respect de seuils minimums pour les effectifs de reproducteurs mâles et femelles, ainsi que de descendants candidats. Ces seuils correspondent à ceux qui étaient applicables aux lignées à diffusion limitée dans le Référentiel RefAvi-SYSAAF 2014. Ces données démographiques doivent être vérifiables et pour se faire être consignées dans un livre généalogique et attestées par un organisme technique reconnu. Dans ce contexte réglementaire, le SYSAAF qui apporte son appui technique dans la gestion génétique et la gestion du livre généalogique de ces races, est également en capacité d'attester du bon respect des règles en vigueur.

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

Le SYSAAF est impliqué depuis 2014 dans le programme CRB-Anim qui a pour objectif d'intégrer et de renforcer les Centres de Ressources Biologiques (CRB) conservant du matériel reproductif et du matériel génomique pour les espèces d'animaux domestiques élevées en France, c.à.d. d'espèces de mammifères, oiseaux, poissons et coquillages. Dans le cadre de ce projet, le SYSAAF est en charge de coordonner les activités de la cryobanque aquacole et gérer la collecte et la congélation d'échantillons approvisionnant les sites primaire et secondaire de la cryobanque avicole nationale, dans le cadre d'une prestation pour l'INRA.

Ainsi, au 1^{er} semestre 2018, la cryopréservation de la semence de 40 coqs Gallus de race Gasconne et 40 coqs Gallus de la population B11 de race Gauloise blanche (Bresse) a été réalisée. Ces collections représentent un stock de 3311 paillettes individuelles pour ces 80 coqs ; soit 1674 paillettes pour la race Gasconne et 1637 paillettes pour la population B11 de la race Gauloise blanche. Ces paillettes ont été transférées et sécurisées pour moitié sur le site primaire de la cryobanque nationale à Maisons-Alfort et pour l'autre moitié sur le site secondaire de l'INRA Centre-Val-de-Loire. Au cours de la procédure de congélation, le SYSAAF a fait l'acquisition d'un nouveau récipient cryogénique (Figure 17) pour mener à bien sa mission.

Figure 19 : Nouvelle cuve cryogénique SYSAAF (120 litres) et illustrations du matériel utilisé pour la constitution des stocks de la collection aviaire de la cryobanque nationale



Par ailleurs, une partie des paillettes précédemment stockées de la lignée expérimentale R+ (lignée INRA sélectionnée pour sa forte consommation alimentaire résiduelle, mais peu fertile) ayant été utilisées pour pallier à la perte de diversité génétique, l'INRA a sollicité le SYSAAF pour en reconstituer le stock de paillettes disponibles en cryobanque. Une partie du stock a été renouvelé au cours du 2nd semestre 2018, par la congélation de 40 paillettes de semence de 4 coqs de la lignée R+, soit 160 paillettes individuelles. La complétude du renouvellement de ce stock est programmée pour le second semestre 2019.

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

3-2 Recherche de nouvelles méthodes de phénotypage bas et haut-débit pour quantifier de nouveaux 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. Cet objectif correspond à la mission 1^{ère} du SYSAAF. Si les caractères de production, tels la croissance, les rendements, les performances de reproduction, la consommation alimentaire, etc... figurent parmi les priorités de toutes les filières de production animale, l'identification de nouveaux caractères et/ou de nouvelles méthodes de quantification, l'estimation des gains potentiels par estimation des paramètres génétiques (héritabilité, corrélations génétiques avec d'autres caractères de production) et la mise au point de méthodes de mesure rapides et peu coûteuses (phénotypage) constituent aujourd'hui des objectifs incontournables. Dans ce but, le SYSAAF conduit des travaux expérimentaux visant à développer, tester et valider de nouvelles méthodes de phénotypage pour les caractères intéressants potentiellement les entreprises françaises de sélection. 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 phénotypage 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 comme la robustesse, la résilience, le bien-être, a d'autant plus d'intérêt lors d'une utilisation en sélection génomique. Seuls les développements de méthodes de phénotypage initiés, en cours de réalisation ou validés en 2018 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 phénotypage sont à divers stades de développement, de validation ou de transfert et de mise en œuvre par le SYSAAF et concerne les méthodes de mesures des caractères de pontes chez la truite (système VisEgg), de prédiction des rendements de parage par vision numérique sur darne chez la truite (système VisDarne), de l'aptitude à la résistance génétique à divers pathogènes chez les poissons dans le cadre de la plateforme Fortior Genetics et divers projets (PerformFish) ou chez les mollusques (Resipal, Vivaldi), de caractérisation de la morphométrie externe chez l'huître creuse et la palourde (Vivaldi), de prédiction du sexe in-vivo par ultrasons chez la perche (Sex'N'Perch), de la composition en acides gras omega-3 de la chair de truite par spectrométrie vibrationnelle de type Raman, ou enfin pour estimer la faisabilité de la mesure de l'efficacité alimentaire individuelle chez la daurade (PerformFish).

Concernant les espèces avicoles, plusieurs méthodes de phénotypage sont également à divers stades de développement, de validation ou de transfert et de mise en œuvre par le SYSAAF et concernent les caractères prédictifs de la qualité du sperme et du potentiel reproductif du sperme frais ou après cryopréservation (CRB-Anim & Fertimâle), l'identification d'indicateurs de la qualité du poussin (Chick'Tip), la caractérisation des mécanismes de reproduction chez la mouche soldat

noire ou la mise au point d'un automate circulaire de pesée, permettant de caractériser le comportement alimentaire individuel d'animaux élevés collectivement et de quantifier en continu la consommation alimentaire et le poids vif en vue de caractériser la variabilité génétique de nouveaux critères de sélection (Eva-HD).

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

A - Phénotypage de caractères qualitatifs chez les invertébrés marins

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

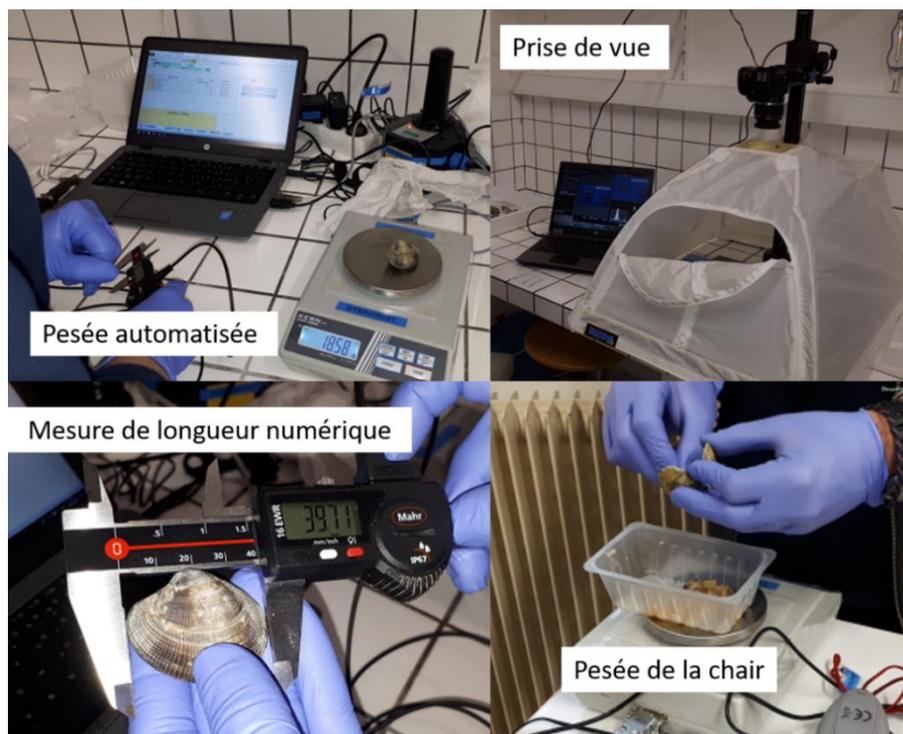
a - Phénotypage de performances de production et qualitatives chez la palourde

L'acquisition des bases génétiques à la domestication et la mise en œuvre de programmes de sélection de la palourde européenne a été initiée dans le cadre du projet européen H2020 VIVALDI et du projet RESIPAL soutenu par le Fond Européen pour l'Aquaculture et la pêche (FEAMP) à l'appel à projet 2018. Une cohorte de 1479 familles a été produite en massale à partir de la ponte de 2 factoriels complets (25♂ x 31♀ et 32♂ x 22♀). Après un élevage sur un site situé à Marennes d'Oléron, des échantillons de cette cohorte ont été envoyés en élevage :

- sur 3 sites en Italie à Chioggia (suivis par l'Université de Padoue) et 2 site en France (Marennes Oléron et Iles Chausey) pour évaluer la variabilité génétique additive à la résistance à deux pathogènes *Vibrio tapetis* (en France) et au parasite Perkinsus (Italie) et des caractères de production et qualitatifs (Programme VIVALDI).
- ou subdivisé en 2 groupes et élevés à Marennes d'Oléron, pour sélectionner des reproducteurs les moins contaminés et étudier la réponse à la sélection sur descendants.

Quatre chantiers de phénotypage ont été conduits en 2018 sur 3434 palourdes pour ces programmes. Lors de ces chantiers, des mesures individuelles de caractères de production et de qualité tels que les poids totaux, de la chair et de tissus tels que les branchies, le volume de fluide extra-palléal, les épaisseurs, les largeurs, les hauteurs. Les principales modalités de mesures sont représentées dans la figure 20. Par ailleurs, des prélèvements de tissus ont été réalisées pour en extraire l'ADN à des fins d'assignation de parenté par génotypage (marqueurs SNP).

Figure 20 : Illustrations de différentes modalités de mesure de caractères phénotypiques chez la palourde.



Les données ont été enregistrées dans le système de base de données InfAqua développé au SYSAAF. Les paramètres génétiques seront estimés par le SYSAAF en 2019, avec la participation d'une étudiante en thèse, après établissement des pedigrees seront établis.

b - Phénotypage de performance chez l'huître creuse

Le projet Européen Vivaldi a également pour objectif d'estimer les paramètres génétiques des caractères de résistance à l'herpes virus OHsV1 et des caractères de production chez l'huître creuse. Ce projet est conduit en parallèle du projet QualityHuitre soutenu par le FEAMP (Appel à projet 2018) dont l'objectif est d'estimer la faisabilité d'une sélection génomique pour des caractères qualitatifs en utilisant la 1^{ère} puce génomique développée pour cette espèce. Le phénotypage dans QualityHuitre combine des analyses morphométriques externes mais aussi des mesures internes réalisées par IRM pour quantifier le rapport gonado-somatique, ainsi que par spectrométrie vibrationnelle par NIR pour estimer les taux de glycoènes.

A cette fin, une cohorte de 700 familles a été produite par fécondation artificielle de 7 factoriels complets de 10♂ x 10♀ par l'entreprise Vendée Naissain. Après un élevage sur le site de Gresseloup (Vendée), la cohorte a été subdivisée et placée sur 2 sites. Le phénotypage du premier lot resté sur Gresseloup a été réalisée en 2018. Outre les mesures individuelles du poids total, de chacune des valves et de la chair pour estimer le rendement en chair, différentes hauteurs, longueurs ou largeurs ont aussi été mesurées. Parallèlement, chaque huître a été prise en photo pour réaliser ultérieurement une analyse bidimensionnelle de la couleur et de l'ornementation de la coquille et du manteau. Des prélèvements de tissus ont aussi été réalisés pour extraire de l'ADN qui sera utilisé pour assigner les parentés après génotypage.

Comme précédemment, les données ont été collectées dans le système de base de données InfAqua. Les pedigrees et les analyses génétiques et génomiques, incluant l'analyse de parenté, l'étude de l'architecture génomique et l'évaluation de la possibilité de réaliser une sélection génomique, seront établis en 2019 partir des génotypages réalisés en mettant en œuvre la puce bi-espèce Huitres 57K de Thermo-Fisher.

c - Phénotypage de performances de production et qualitatives chez l'ormeau

La domestication de l'ormeau européen a été initiée par l'entreprise France-Haliotis (Plouguerneu). Le projet GenOrmeau soutenu par le FEAMP (Appel à projet 2017) a, entre autres, pour objectif d'estimer les paramètres génétiques de la croissance et de caractères qualitatifs chez l'ormeau. Les 945 individus utilisés sont issus d'une cohorte produite à partir du croisement factoriel complet de 24 pères et 16 mères. Différentes caractéristiques morphométriques ont été quantifiées (poids, longueurs, hauteurs) entre 12 et 42 mois, ainsi que différentes mesures réalisées par ultrasons. Les modalités de réalisation des principales mesures sont présentées dans la figure 21. Par ailleurs, comme pour les autres espèces, des échantillons de tissus ont été collectés individuellement pour extraire de l'ADN pour permettre d'assigner les parentés après génotypage. A cette fin, un panel d'assignation avec marqueurs SNP a été développé dans le cadre de ce programme (Harney *et al.*, 2017).

Figure 21 : Illustrations de différentes modalités de mesure de caractères phénotypiques chez l'ormeau.



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

Différents travaux de recherche ont rapporté une variabilité génétique de la teneur en acides gras polyinsaturés de la série n-3 chez le saumon ou d'autres espèces piscicoles comme le tilapia ou le tambour jaune. Augmenter sa composition relative en acides gras polyinsaturés de la série n-3 par la voie de la sélection génétique constitue donc une stratégie potentiellement intéressante pour pallier les difficultés d'approvisionnement, essentiellement limitée aux huiles de poissons de pêche, alors que les besoins en raison du développement prévisionnel de l'aquaculture mondiale sont croissants.

Une des difficultés réside dans le rapport coût/efficacité de la technique de chromatographie en phase gazeuse (CPG) qui est la seule méthode de phénotypage actuellement disponible, avec un prix de revient d'environ 100 € par échantillon-poisson. Toute possibilité d'investigation s'avère donc aujourd'hui limitée, néanmoins des travaux récents ont rapporté la possibilité de qualifier des compositions en acides gras dans les huiles de poissons par spectrométrie Raman.

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

La première phase de ce projet initiée en 2018 avait donc pour objectif l'obtention d'équations de calibrations des acides gras. A cette fin, des groupes expérimentaux de truites élevées au sein de l'unité expérimentale de l'INRA (PEIMA, 29) ont été alimentés avec 2 aliments de composition différente, respectivement riches en huiles de poissons ou substitués en végétaux pour maximiser les variabilités de concentrations en acides gras.

Des échantillons de gras viscéral ont été prélevés après 4 mois d'alimentation avec ces 2 aliments (mars 2018) et congelés à -180°C à la plateforme CryoAqua pour caractérisation multi spectrale par spectrométrie Raman par la plateforme SIR du CNRS et analyse de la composition en CPG (sous-traitance Eurofins). L'acquisition des spectres Raman est faite après décongélation sur un HR 800 (Horiba scientifique) équipé d'un détecteur CCD refroidi à -40°C et contrôlé par le logiciel LabSpec6. Un laser LED 785 nm est utilisé comme excitatrice. La mise au point méthodologique a permis de sélectionner la fenêtre spectrale pour la réalisation des mesures Raman. L'attribution des bandes du spectre Raman a été réalisée à partir de la littérature et est présentée figures 22 et 23. Différentes méthodes de calcul de ligne de base ont été testées pour normaliser et standardiser les spectres et deux méthodes d'apprentissage statistique, la régression 'ridge' et la répression 'PLS' ont été testées.

Figure 22 : Appareil Raman HR 800 Horiba et profil de spectre Raman d'adipocytes de truite.

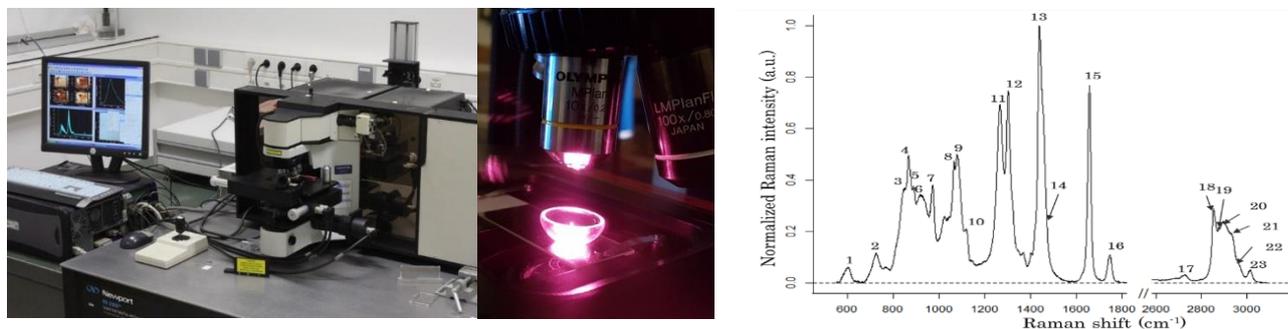
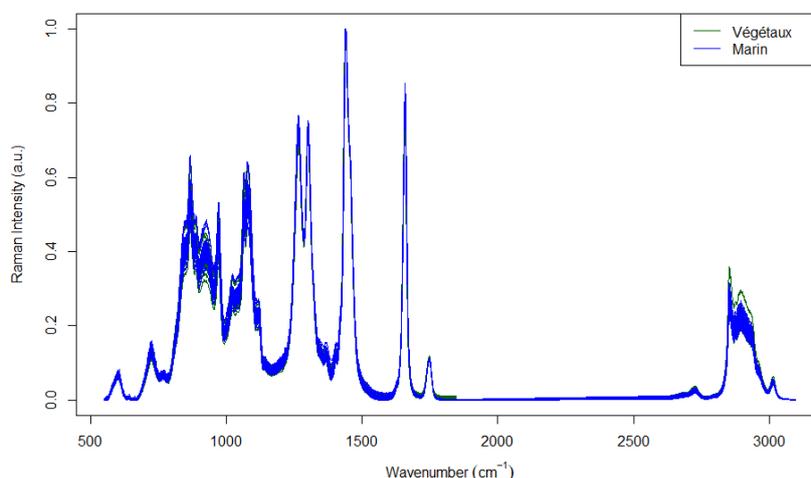


Figure 23 : Spectres Raman de la phase de calibration avec soustraction de la ligne de base et normalisation.



Cette première phase de calibration permet de conclure qu'il est possible de prédire selon différents niveaux de précision la composition en acides gras des adipocytes de truites en fonction des acides gras. Des raffinements des équations de prédiction seront tentées au premier semestre 2019 avant utilisation en condition de sélection commerciale sur de l'ordre de 1400 collatéraux qui seront phénotypés en Raman et génotypés en puces LD pour estimer les possibilités de sélection génomique.

C - Phénotypage de caractères de résistance aux pathologies chez les espèces aquacoles

Les espèces aquacoles sont majoritairement élevées en milieu ouvert et soumises aux nombreux pathogènes présents dans le milieu naturel. Par contre, il est envisageable de réaliser des challenges contrôlés à des pathogènes spécifiques en milieu confiné pour un nombre important d'individus (1200 à 2000 par génération ou cohorte) ; stratégie qu'il est malheureusement impossible d'envisager chez les espèces domestiques terrestres, y compris chez les volailles. Cette spécificité fait qu'il est possible d'envisager la sélection de sujets plus résistants à divers pathogènes afin d'améliorer la rentabilité des élevages en réduisant les mortalités et en améliorant indirectement la croissance. La sélection de sujets plus résistants contribuera également à limiter le recours à l'antibiothérapie générateur de phénomènes d'antibiorésistances potentiellement problématiques pour l'Homme et confortera en cela la démarche mise en œuvre dans les plans écoantibio successifs dans les élevages de production. Enfin, elle devrait aussi permettre d'améliorer l'efficacité écologique de la production par une meilleure valorisation des intrants, en particulier l'aliment, principal facteur d'impact écologique.

A cette fin, il est nécessaire de mettre au point un challenge adapté pour chaque espèce, à chacune des principales maladies d'intérêt (SHV et IPN de la truite, VNN et vibriose à *Vibrio harveyi* du bar, pasteurellose de la daurade, edwardsiellose chez le turbot). Il doit aussi être optimisé pour des effectifs en nombre suffisant pour permettre la réalisation d'une évaluation génétique, c'est-à-dire de l'ordre de 1000 à 2000 collatéraux par challenge contrôlé. Cette mise au point implique la culture d'un volume minimum de pathogènes assez conséquent mais aussi des pré-tests infectieux par immersion (bain) ou par injection avant d'initier les challenges afin de préciser le nombre de bactéries ou virus à injecter ou leur concentration dans le bain infectieux. Des modalités qu'il est nécessaire de tester avant chaque challenge. En 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). Néanmoins, différents facteurs peuvent limiter l'efficacité des challenges qui peuvent être inefficaces ou inversement induire un taux de mortalité trop élevé. Parmi ceux-ci, la virulence du pathogène qu'il est parfois nécessaire de réactiver en réalisant plusieurs cycles de multiplication, mais aussi la taille optimale des poissons. En effet, le système immunitaire inné pouvant ne pas être mature ou les animaux trop gros lors de l'infection. Le poids au challenge avec des lots hétérogènes peut également être une source de biais potentiels impliquant la nécessité de connaître le poids individuel de chaque individu et son marquage par transpondeur afin de corriger la performance par l'effet du poids. Ces aspects constituent des inconnues comme celle de l'héritabilité du caractère, ainsi que celle du niveau de résistance spécifique de chacune des lignées commerciales et de la variabilité interindividuelle. Les protocoles mis en place doivent donc être adaptés pour chaque test et la démarche reste très expérimentale à ce stade.

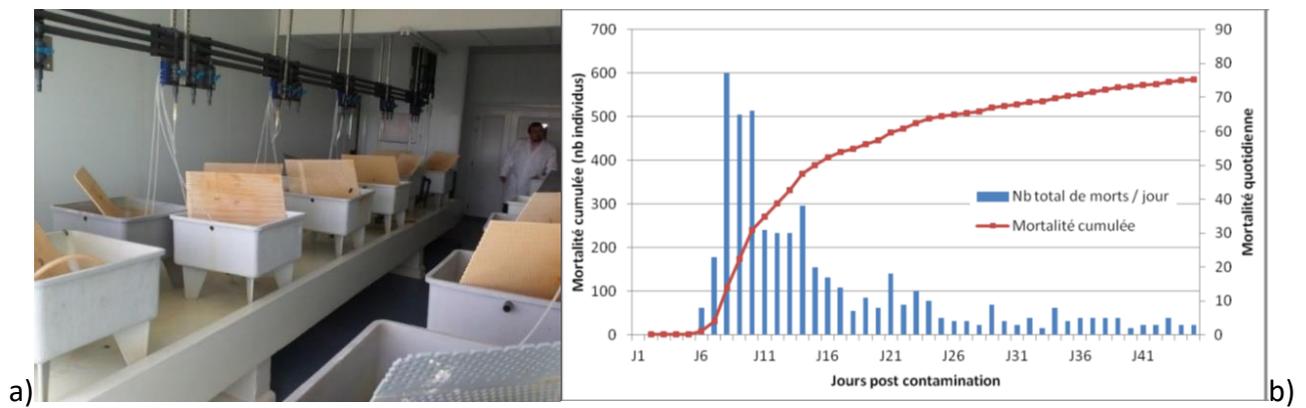
Afin de répondre aux normes d'éthique et de respect du bien-être en élevage, le SYSAAF a initié une démarche collective et s'est rapproché de l'ANSES pour réaliser des challenges en conditions confinées au sein de son laboratoire de référence national pour les pathologies des poissons (Unité Pathologie Virale des Poissons du laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, basé à Plouzané (29)) (Figure 24). Une ingénieure a été embauchée par le SYSAAF et mise à disposition de l'ANSES dans le cadre d'un accord-cadre entre l'ANSES et le SYSAAF pour mettre en place une plate-forme

d'infectiologie expérimentale dédiée à la sélection génétique des espèces piscicoles (FORTIOR Genetics). Des accords de consortium ont été signés entre le SYSAAF et ses adhérents utilisateurs de la plate-forme pour garantir son bon fonctionnement. Ce consortium est animé par l'ingénieure en charge de la gestion de la plate-forme et de la réalisation des challenges infectieux. Elle a été formée à l'expérimentation animale (niveau 1) et participe à des formations régulières (Module aquacole à l'ONIRIS, 2017, Congrès Aqua 2018 à Montpellier).

Plusieurs tests de challenges expérimentaux contrôlés ont été réalisés en 2018 chez la truite, le bar et la daurade pour valider la démarche visant à quantifier leurs résistances à l'IPN et à la SHV pour la truite, au VNN et à la vibriose pour le bar et à la pasteurellose pour la daurade.

Figure 24 : a) Unité de challenge pathologique contrôlé en milieu confiné à l'ANSES (Agrément national pour l'expérimentation C 29-212-3)

b) Exemple de réponse à un challenge au VNN chez le bar en nombre de morts par jours après infection par injection au VNN chez le bar.



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

Pour la plupart des challenges réalisés, des héritabilités intermédiaires ont été estimées confirmant la possibilité de générer des gains de résistance aux diverses pathologies par sélection génétique en mettant en œuvre les dispositifs d'évaluation génétique en familles mélangées. Certains travaux ont déjà donné lieu à publication ou à communication comme celles sur la résistance au VNN et à *Vibrio Harveyi* chez le bar (Doan et al., 2017; Palaiokostas et al., 2018, Morvezen et al., 2018) ou à la pasteurelle chez la daurade et la possibilité de sélection génomique chez ces espèces (Aslam et al., 2017; Palaiokostas et al., 2018).

Outre la réalisation des challenges infectieux, un programme R&D TurBoost a été monté afin d'étudier la résistance des turbots à l'edwardsiellose, maladie provoquée par la bactérie *Edwardsiella tarda*, d'en estimer les paramètres génétiques et de mettre en place une démarche de sélection sur ce caractère. Le projet, financé par le FEAMP (mesure 47) a nécessité la mise au point d'un protocole expérimental, à partir de la bibliographie, validé par un comité d'éthique. Le couple hôte pathogène étant nouvellement testé au sein de la plate-forme, le protocole de tests établi permettra de définir les paramètres (température, dose de pathogène...) à utiliser lors des challenges de phénotypage.

La plate-forme Fortior Genetics utilise les installations de l'unité PVP de l'ANSES pour la réalisation de ses épreuves infectieuses. Un dossier de demande d'investissements a été déposé au

FEAMP Bretagne en 2018 et accepté par l'ANSES pour aménager et réadapter les installations actuelles. La plate-forme bénéficiera ainsi d'une salle expérimentale dédiée à son activité. En amont de ce projet, la sécurisation des effluents en sortie du laboratoire avait également fait l'objet de travaux avec la mise en place d'un système d'ozonation. Son efficacité a pu être testée et prouvée lors de sa mise en route (François et al., 2018).

Tableau 6 : Héritabilités de la résistance à des pathogènes chez la truite, le bar et la daurade.

Année	Espèce	Pathogène	Programme	Effectif	Taux de mortalité	Nb parents	h ² survie
2016	Daurade	Photobacterium subsp. piscicida	ReSist	1290	26%	27♀x 58♂	0,19±0,06
	Bar	VNN	ReSist	1212	42,8 %	13♀x 33♂	0.21±0,09
	Bar	Vibrio Harveyi	ReSist	758	37%	13♀x 33♂	0.13±0,07
	Truite	vNPI	SG-Truite	2000	41%	103♀x 99♂	0.14±0.05
	Truite	vSHV	Privé	1800	75,12%	105♀x 100♂	0.23±0,04
2017	Bar	VNN	GeneSea	1239	21.5 %	16♀x 60♂	0,12±0.01
	Bar	VNN	Privé	1350	47.5 %	15♀x 45♂	En cours
2018	Daurade	Photobacterium subsp. piscicida	Privé	1400	68.4 %	27♀x 60♂	En cours
	Truite	vNPI	Privé	2000	40%	100♀x100♂	En cours
	Bar	Vibrio Harveyi	PerformFish	2400	41.5%	15♀x 45♂	En cours
	Truite	vNPI	Privé	3000	44.9%	101♀x100♂	En cours
	Truite	vSHV	Privé	700	49.5%	101♀x100♂	En cours
	Bar	VNN	Privé	1400	36.8%	21♀x 52♂	En cours
	Bar	Vibrio Harveyi	Privé	800	90.3%	21♀x 52♂	En cours
	Bar	VNN	Privé	1200	59%	20♀x 60♂	En cours
Bar	Vibrio Harveyi	Privé	1299	70.80%	20♀x 60♂	En cours	

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

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

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

en élevage ce qui permet d'observer, en plus de l'efficacité alimentaire, le comportement alimentaire des animaux ainsi que l'interaction sociale entre eux.

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

E- Phénotypage de caractères de reproduction et de qualité des poussins chez les volailles

La préservation du patrimoine génétique est une des priorités nationales faisant l'objet d'engagements internationaux de la France dans le cadre de la FAO et du Protocole de Nagoya. Dans le même temps, les races locales d'animaux de rentes voient leurs effectifs se réduire, voir 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 de la Cryobanque Nationale, dont le SYSAAF est membre. Dans ce contexte, le SYSAAF a procédé en 2018 à la cryopréservation de semences de deux nouvelles races locales de volailles (Race Gauloise blanche [Bresse] et Gasconne) qui sont allées rejoindre la collection de la Cryobanque Nationale. Il est néanmoins nécessaire de qualifier expérimentalement la qualité des semences avant cryopréservation et leur fécondance après décongélation pour vérifier que la procédure est efficiente. Dans ce contexte, des tests expérimentaux de fertilité avec de la semence congelée/décongelée sont réalisés. Alors que les méthodes actuelles de cryopréservation ne sont pas adaptées à une mise en œuvre sur le terrain, de nouveaux protocoles de congélation de semence avec différents cryoprotecteurs (glycérol vs Diméthyle formamide) vont être testés afin de pouvoir utiliser la méthode de congélation/décongélation sur le "terrain" et ainsi pouvoir répondre aux besoins de nos adhérents.

Par ailleurs, les analyses actuellement utilisées pour qualifier la qualité de la semence ne sont pas totalement satisfaisantes, prédictives et/ou répétables, il est donc 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 animaux. 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 composition 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 fertilités chez des coqs présentant des fertilités contrastées. Dans ce contexte, le programme Fertimâle a pour objectif de confirmer le caractère diagnostique de ce test chez différentes populations commerciales de l'espèce Gallus. Néanmoins, l'intérêt des sélectionneurs pour une utilisation en routine chez les oiseaux réside dans la capacité d'utiliser ce test pour prédire le potentiel reproducteur d'un coq au cours du cycle de production, dès l'acquisition de sa maturité sexuelle. Afin de tester parallèlement cette hypothèse, le SYSAAF réalise depuis 2018 un large échantillonnage de semence de coqs de populations

pedigrees (Filières chair et pondeuse) collectés à différents stades du cycle de production. Des tests expérimentaux de qualité du sperme et de fertilité par IA monospermique sont réalisés parallèlement à l'analyse ICM-MS. Si les données acquises confirment l'efficacité de la méthode, un travail de modélisation mathématique sera conduit. Les modèles devant potentiellement permettre d'évaluer la qualité des gamètes et donc de prédire les potentiels de fertilités des animaux par spectrophotométries.

Les critères de qualification de la semence actuellement utilisés ne garantissent toutefois pas une meilleure qualité de poussin. Dans ce contexte, l'objectif du programme Chick'Tip est d'identifier des indicateurs de la qualité/robustesse des poussins à l'éclosion. A cette fin, de nouveaux paramètres sont quantifiés au cours de la période de développement embryonnaire et chez le jeune poussin après éclosion, dont le SYSAAF réalisera l'analyse multifactorielle. Le SYSAAF est aussi le partenaire d'une étude préliminaire d'un programme de recherche dont l'objectif est d'étudier le rôle physiologique spécifique d'adipokines pendant le développement embryonnaire. S'il s'avère que ces molécules peuvent être identifiées en tant que marqueurs de la robustesse des poussins, leur quantification pourrait être utilisée par les généticiens du SYSAAF dans les critères de sélections. Cette composante génétique est actuellement en cours d'investigation chez plusieurs espèces de volailles, en collaboration avec nos adhérents (FertiliChem).

F- Phénotypage de caractères de reproduction chez la mouche soldat noire.

La maîtrise de la reproduction est un élément primordial d'un processus de domestication d'une nouvelle espèce. Même s'ils sont loin d'être totalement décortiqués, les mécanismes de reproduction ont fait l'objet de nombreux travaux chez différentes espèces de vertébrés (mammifères, oiseaux, poissons), par contre les inconnues sont nombreuses chez les espèces d'invertébrés dont les insectes. L'élevage d'insectes est toutefois présenté depuis quelques années comme une source alternative de protéines dont les qualités nutritionnelles peuvent en faire une bonne alternative pour l'alimentation des poissons et monogastriques (Stadlander et al., 2017), si ce n'est pour l'homme. Aujourd'hui, la maîtrise de leur cycle de reproduction et de la gestion de la diversité génétique des populations en élevage est donc un préalable indispensable à l'optimisation des techniques d'élevage de ces espèces. L'*Hermetia illucens* ou "mouche soldat noire" est une des 2 espèces qui sont principalement utilisées aujourd'hui en élevage. Dans ce contexte, le SYSAAF a été sollicité par l'entreprise InnovaFeed. Après une analyse de la bibliographie, un 1^{er} projet (ReproGenFly) a été élaboré en 2018 en partenariat avec ladite société et l'Institut de Recherche sur la Biologie des Insectes de l'Université de Tours (IRBI) et sera réalisé en 2019. L'objectif est de maîtriser le cycle de reproduction d'*Hermetia illucens*, pour mettre en place un programme de sélection structuré.

G- Impact de mécanismes épigénétiques sur les phénotypes comportementaux chez les oiseaux

Les populations de gibiers sauvages en France sont pour certaines en déclin et le maintien et la gestion de ces espèces souvent emblématiques deviennent aujourd'hui des enjeux majeurs. Afin de pallier à cette diminution des populations, des lâchers de gibiers d'élevage sont effectués chaque année que ce soit pour répondre à des objectifs cynégétiques ou à des objectifs de repeuplement et conservation. Cependant, la survie et les capacités de reproduction de ces animaux restent faibles en milieu naturel. Une thèse est en cours pour trouver des leviers permettant d'améliorer à long terme la survie de ces oiseaux. Cette thèse s'intéresse aux influences maternelles prénatales, dont les effets sur le développement comportemental des jeunes ont largement été démontrés, notamment grâce aux études réalisées en éthologie. Dans une première partie, partie préliminaire, réalisée sur la caille japonaise, les travaux portent sur l'influence de différentes conditions de vie maternelle (stressantes, complexes-variables) sur le développement de plusieurs générations de

descendants (effets maternels à long terme). L'impact de ces traitements prénatals sur le développement comportemental des jeunes sera caractérisé (comportements ayant un rôle adaptatif : réactivité émotionnelle et capacités d'apprentissage). Des corrélats physiologiques (corticotérostéone plasmatique, composition hormonale des œufs) et neurobiologiques (mécanismes épigénétiques) seront recherchés. Dans une seconde partie, les études préalablement réalisées chez la caille japonaise seront mises en application, afin d'améliorer les capacités d'adaptation des descendants d'une autre espèce de phasianidés, la perdrix rouge.

3-3 Création de ressources génomiques et/ou d'outils de génotypage pour caractériser, gérer et préserver le patrimoine génétique chez les espèces des filières avicoles et aquacoles

(Objectif opérationnel 4, Thématiques 1 & 2)

Dans une démarche à long terme, le SYSAAF a mis en œuvre une 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 des possibles mises en application ultérieures sont mises en œuvre pour répondre aux 2 thématiques du SYSAAF.

3-3-1 Objectifs du projet

Une des missions du SYSAAF concerne la gestion et la préservation du patrimoine génétique des populations des espèces avicoles et aquacoles. Pour mener à bien cette mission, la caractérisation de ce patrimoine génétique est un préalable indispensable afin d'apprécier la diversité génétique intra population et inter population, puis d'adapter en conséquence leur gestion dans un 2nd temps. Un objectif du SYSAAF est donc de caractériser la diversité génétique inter et/ou intra population sur la base d'informations génomiques chez des espèces avicoles et aquacoles via plusieurs programmes de recherche, pour la poule (RefGenDivA), les canards (CanArray), la pintade, l'oie, les faisans, les perdrix rouges et grises, les cailles, la truite arc-en-ciel (57K-Truite), l'huitre creuse (GenOyster), l'ormeau (GenOrmeau), la palourde japonaise (Vivaldi).

La gestion et la préservation de la diversité génétique répond à plusieurs objectifs. Ainsi, une gestion raisonnée des accouplements garantit la conservation de la variabilité génétique, nécessaire dans les populations sélectionnées pour réaliser du progrès génétique. De même, la gestion des accouplements permet malgré le nombre restreint de reproducteurs de limiter l'augmentation de la consanguinité dans les populations en conservation. En aquaculture, le recours à des plans de fécondation de type semi-factoriel et à des assignations de parenté par empreintes génétiques maximise la conservation de la variabilité génétique. Pour les espèces avicoles, la gestion du patrimoine génétique via le contrôle des accouplements repose dans la plupart des espèces sur l'utilisation d'inséminations artificielles et le recours à des cages individuelles pendant la période de ponte. Compte-tenu de l'évolution des attentes sociétales en matière de bien-être animal, la mise en œuvre de ces pratiques et modes d'élevage chez les sélectionneurs risquent d'être remis en cause. Un enjeu majeur pour le SYSAAF est d'anticiper cette évolution en mettant au point des panels SNP d'assignation de parenté, notamment pour la poule (RefGenDivA), le faisan (FaisSigne), l'oie (SNPoie), et les canards (CanArray). De tels outils moléculaires existent déjà pour des espèces aquacoles (truite, bar, daurade), mais les marqueurs utilisés pour le développement, en l'occurrence les microsatellites, sont aujourd'hui proches de l'obsolescence. Il faut donc là aussi prévoir de les remplacer par des marqueurs de nouvelle génération, les SNP. Chez les espèces aquacoles, des panels sont développés chez l'ormeau (GenOrmeau), la truite (57K Truite), le maigre et l'huitre creuse (GenOyster). Des projets de développement sont envisagés pour la palourde japonaise (Vivaldi), le bar et la daurade (GeneSea). Le développement de ces outils repose sur l'identification de ressources génomiques, le choix de marqueurs présentant les caractéristiques optimales (déséquilibre de liaison, variabilité génétique, fréquence des allèles dans les populations d'intérêt, taux d'allèles nuls...), le choix du laboratoire de génotypage en routine et la validation de leur puissance d'assignation. La préservation du patrimoine génétique peut également avoir pour objectif de contrôler l'impact des pratiques de sélection sur la diversité génétique de populations domestiques et/ou sauvages. Le SYSAAF répond à cet objectif avec par exemple le développement d'un panel de marqueurs SNP pour la détection de l'hybridation entre la caille des blés et la caille japonaise (HybridationCaille).

3-3-2 Etat de l'art

A - Caractérisation des populations

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

B - Assignation de parenté

L'assignation de parenté consiste à reconstituer le pedigree dans une population sur la base de marqueurs moléculaires. Dans plusieurs espèces, les assignations de parenté ont été développées en se basant sur des marqueurs microsatellites, caractérisés par la variabilité du nombre de répétitions d'un motif d'ADN. Les panels initialement mis au point chez la truite, le bar et la daurade avec cette technologie permettent d'atteindre des taux d'assignation proches de 100% (Vandeputte et 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 : poule, faisan, oie, canard, ormeau, palourde japonaise, huitre creuse, truite, bar, daurade, turbot, maigre. Pour ces espèces caractérisées par des individus ayant une faible valeur monétaire (par opposition aux animaux des filières ruminant notamment), le coût de l'analyse d'assignation doit être très faible pour permettre son utilisation en routine sur un large nombre de reproducteurs et de descendants, et il est donc crucial de maximiser le taux d'assignation avec le nombre de SNP le plus faible possible. La mise au point de ces outils nécessite donc un investissement en R&D afin d'optimiser le choix des marqueurs et les méthodes d'analyse.

C - Hybridation interspécifique

Chez la caille, l'hybridation entre la caille des blés (*C. coturnix*) et la caille japonaise (*C. japonica*) a été étudiée sur la base de marqueurs microsatellites (Chazara *et al.*, 2010; Sanchez-Donoso *et al.*, 2014; Smith *et al.*, 2018). Ces travaux ont permis de détecter l'occurrence d'individus hybrides entre les deux espèces à la fois en populations naturelles et captives. Néanmoins, l'utilisation de ces marqueurs microsatellites en faible nombre et préalablement développé pour la caille japonaise impacte considérablement leur capacité à détecter la présence d'individus dont le niveau d'hybridation est élevé (hybride de 3^{ème} ou 4^{ème} génération). Des travaux réalisés chez les bovins ont permis de montrer que l'estimation précise du taux d'hybridation entre 2 races pouvait être réalisée avec 40K marqueurs SNP, et que pour la détection fine de l'hybridation (c'est-à-dire, des SNP avec des allèles différemment fixés dans chacune des 2 races), il était possible de restreindre le nombre de SNP à 96, voir 48 marqueurs. Des travaux de recherche sont donc nécessaires pour identifier un jeu de marqueurs SNP pertinents pour la détection d'hybride et l'estimation du taux d'hybridation, et pour optimiser le panel de façon à rendre accessible cet outil génomique.

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

A - Caractérisation des populations

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

B - Assignation de parenté

Pour les espèces concernées par le développement de panels d'assignation de parenté SNP (poule, faisan, oie, canard commun et canard de Barbarie, ormeau, palourde, huitre creuse, truite, bar, daurade, maigre, turbot), un enjeu majeur des travaux de recherche engagés est l'obtention de taux d'assignation élevés (supérieur à 95%) avec un nombre le plus petit possible de marqueurs afin que le coût de l'analyse permette une utilisation en routine des outils d'assignation de parenté. Il a été montré dans une population de truite d'un sélectionneur concurrent que moins de 50 SNP pouvaient être utilisés (Liu *et al.* 2016), mais la structuration des populations de truites françaises diffère de celle déjà étudiée. Par ailleurs, le SYSAAF vise à développer des outils communs intra-espèce afin de mutualiser les coûts de développements et d'utilisation des outils entre les sélectionneurs adhérents. Les panels d'assignation truite, bar, daurade, huitre creuse, oie, canard et poule se trouvent dans ce cas de figure, or l'optimisation de tels panels requiert généralement plus de marqueurs SNP, du fait du plus grand nombre de parents utilisés par génération pour

maximiser la variabilité génétique et la taille efficace (192 SNP utilisés chez le mouton pour de l'assignation dans 30 races françaises, Tortereau et al. 2017 ; 196 marqueurs chez l'huître creuse (Lapegue et al., 2014). Dans le cas de la poule, le panel sera mis au point avec le 2nd objectif de réaliser des assignations à la race. Dans un contexte d'assignation de parenté, les marqueurs les plus informatifs ont une fréquence de l'allèle mineur (MAF) autour de 0,5, tandis que dans un contexte d'assignation à la race les marqueurs doivent être fixés ou proches de la fixation (MAF proche de 0). Pour lever ce verrou, une méthodologie de choix des marqueurs développée spécifiquement pour ce projet est mise en œuvre. Il faut noter également que si des outils de génotypage haut débit sont développés pour le canard, l'huître, la truite, le bar et la daurade, de tels outils n'existent pas pour l'ormeau, la palourde, l'oie et le faisan, et un verrou à lever dans ces espèces réside dans le développement de marqueurs SNP.

C - Hybridation interspécifique

Pour le développement du panel d'hybridation chez la caille, l'INRA dispose de données de séquence obtenues chez la caille japonaise et la caille de Blés lors du programme ANR SNP-BB (ANR 009-GENM-008). Ces données ont été utilisées afin de détecter la présence d'allèles spécifiques à l'une et l'autre espèce. Néanmoins, le faible nombre d'individus séquencés lors de ce projet (20 cailles japonaises et 2 cailles des blés) ne permet pas de généraliser à l'ensemble des deux espèces le patron observé lors de cette première analyse. Il a donc été prévu de 1) tester un sous-échantillon de marqueurs sur des populations plus représentative de la diversité génétique des deux espèces et 2) d'adapter une approche statistique afin de pouvoir baser le test de détection d'hybrides sur des marqueurs dont les allèles ne sont pas nécessairement spécifiques à l'espèce.

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

A - Caractérisation des populations

Pour l'étude de la diversité chez l'ormeau (GenOrmeau, financé par le FEAMP, AAP 2017), 500 marqueurs SNP potentiels ont été identifiés à partir de données transcriptomiques. Sur ces 500 marqueurs, 318 ont pu être génotypés sur 7 familles élevées séparément par le sélectionneur France-Haliotis pour la phase de validation. Les 318 marqueurs obtenus ont été triés pour leur qualité (taux de génotypage, transmission mendélienne des allèles entre des parents et des descendants dans 5 familles). L'analyse de la diversité génétique sur la base de ces marqueurs de qualité est en cours (Harney et al., 2018).

Tableau 7 : Résultats de calculs de tailles efficaces et augmentation de consanguinité basés sur la reconstitution du pedigree par assignation de parenté dans le cadre du programme GenOyster

				
<u>Expected Ne</u>	42	135	139	105
<u>Realized Ne with offspring variance</u>	23	47	16	63
<u>Inbreeding increase</u>	2.21%	1.07%	3.09%	0.80%
<u>Heterozygosity parents/offspring</u>	0.193 / 0.187	0.226 / 0.226	0.228 / 0.233	0.210 / 0.200

Sur les populations d'huîtres creuses des sélectionneurs français, dans le cadre du projet GenOyster, 400 à 500 huitres creuses pour chacune des quatre populations des sélectionneurs français (Vendée Naissain, Satmar, Marinove et Novostréa) ainsi que leurs parents respectifs ont

été génotypés sur 384 SNPs développés précédemment (Lapègue et al. 2014). Les analyses confirment qu'il existe un déséquilibre de succès reproducteur, observé chez beaucoup d'écloserie de mollusques (Boudry et al. 2001). Cependant, ce déséquilibre ne semble pas induire de perte de diversité d'une génération à l'autre. Ce résultat atteste donc de l'intérêt des plans de croisement semi-factoriels pour la gestion de la diversité génétique des cheptels d'huitres creuses. Les résultats de calcul de taille efficace et d'augmentation de consanguinité sont présentés dans le Tableau 7.

B - Assignment de parenté

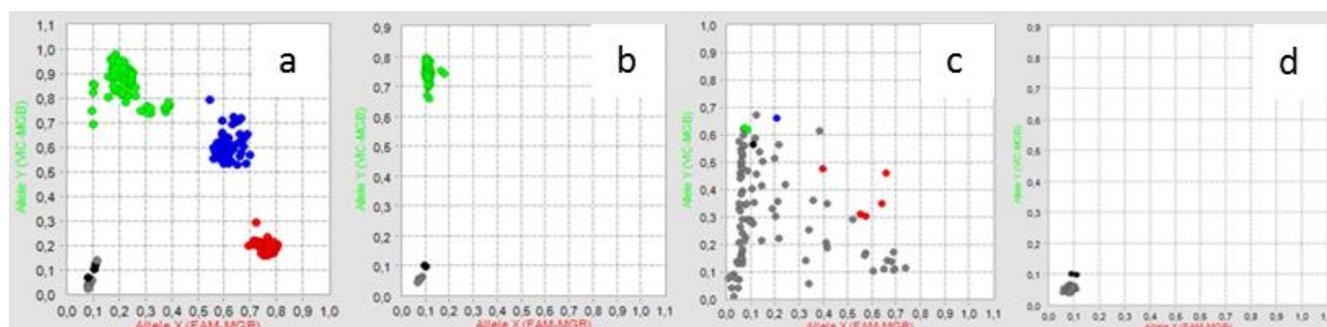
Dans le cadre du programme GenOyster le panel d'assignation développé précédemment (Lapègue et al. 2014) a été testé chez quatre sélectionneurs d'huitres creuses adhérents du SYSAAF. Les résultats présentés dans le tableau 3 indiquent globalement une bonne performance d'assignation du panel, qui est donc utilisable dans les programmes de sélection huitre creuses.

Tableau 8 : Taux d'assignation chez 4 sélectionneurs d'huitres creuses (Prog. GenOyster)

	 marinove <small>Nous sélectionnons le meilleur de la nature</small>	 Novostrea <small>Bretagne</small>	 Satmar <small>Naturellement...</small>	 France <small>Naissain</small>
Assigned to 1 couple	466	514	577	408
Assigned to many couples	12	0	0	0
Not assigned	12	47	23	6
Inexploitable	31	35	12	152
Useful assignment rate	89%	86%	94%	72%

Dans FaisSigne et SNPoie, les prélèvements de trios père-mère-descendant ont été réalisés. Les trios d'oies ont été analysés sur 288 marqueurs SNP en technologie Kaspar, par la plateforme INRA Gentyane. Contrairement à ce qui était attendu compte-tenu de la démarche utilisée pour l'identification des marqueurs, les résultats de génotypage se sont révélés inexploitable. La figure 25 ci-dessous présente le résultat attendu pour un SNP polymorphe (variable dans la population) de bonne qualité (a), pour un SNP monomorphe (non variable), et pour un SNP polymorphe de mauvaise qualité (c), et pour un SNP ne fonctionnant pas (d).

Figure 25 : Exemple de clusters pour un SNP polymorphe de bonne qualité (a), un SNP monomorphe (b), un SNP polymorphe de mauvaise qualité (c), un SNP ne fonctionnant pas (d)



Dans le projet SNPoie, les catégories suivantes ont été observées : environ 50% de marqueurs non-variables (b), environ 50% de marqueurs sans fluorescence (d), et très peu de marqueurs variables de mauvaise qualité (c). Compte-tenu de ces résultats, un test sur un nombre réduit de marqueurs et d'individus a été réalisé chez le faisan (FaisSigne), pour lequel la même démarche avait été appliquée. Les résultats obtenus ont été aussi décevant, avec le même type d'observations que chez l'oie. Plusieurs hypothèses ont été formulées par les partenaires du projet pour expliquer

ces mauvais résultats et des vérifications ont été effectuées. Les causes suivantes ont été écartées : contamination de l'ADN utilisé pour le séquençage et l'identification des marqueurs, problème technique au design des amorces, mauvaise qualité de l'ADN utilisé pour le génotypage. Finalement la cause du problème a été mise en évidence par comparaison des séquences des amorces produites dans SNPoie pour l'oie grise *Anser anser* avec le génome de référence de l'oie de Chine, *Anser cygnoides*, disponible dans la base de données publique du NCBI. Cette vérification réalisée sur un échantillon de 100 séquences a permis de constater que pour 60% des marqueurs, il y avait incohérence entre le polymorphisme du marqueur et le génome de référence de l'oie de Chine. Par exemple, le polymorphisme A/G avait été identifié chez l'oie grise, tandis qu'un allèle C était observé chez l'oie de Chine (Figure 26). Un taux aussi élevé de différences n'était pas attendu, dans la mesure où les marqueurs avaient été choisis avec pour objectif d'être variables chez l'oie grise, mais sans rechercher des marqueurs permettant de distinguer les 2 espèces d'oies.

Les comparaisons des alignements ont également permis de constater que pour 40% des marqueurs, il y avait incohérence des séquences sur la base située à droite du polymorphisme (Figure 26). Enfin, il y avait une cohérence systématique entre le polymorphisme découvert chez l'oie grise, et la base adjacente à droite à cette position chez l'oie de Chine. L'ensemble de ces observations a permis de conclure à un décalage de la séquence chez l'oie grise. Après vérification des outils utilisés par le CNRS, il s'est avéré qu'une mise à jour de logiciel avait causé un bug responsable de ce décalage et donc du mauvais fonctionnement des marqueurs. Ce bug a été corrigé et la production d'une nouvelle liste de marqueurs a été lancée en décembre 2018 pour l'oie grise. Un pré-test sera réalisé sur une liste restreint de SNP afin de valider cette nouvelle liste, avant de commander le design des amorces et le génotypage d'un plus large nombre de SNP et d'individus. La même démarche sera appliquée chez le faisane (FaisSigne).

Figure 26 : Exemple d'alignement de la séquence du marqueur chez l'oie grise (lignes Query) sur le génome de référence d'*Anser cygnoides* (lignes Sbjct). Le polymorphisme est noté N. un trait vertical relie les 2 séquences quand il y a concordance.

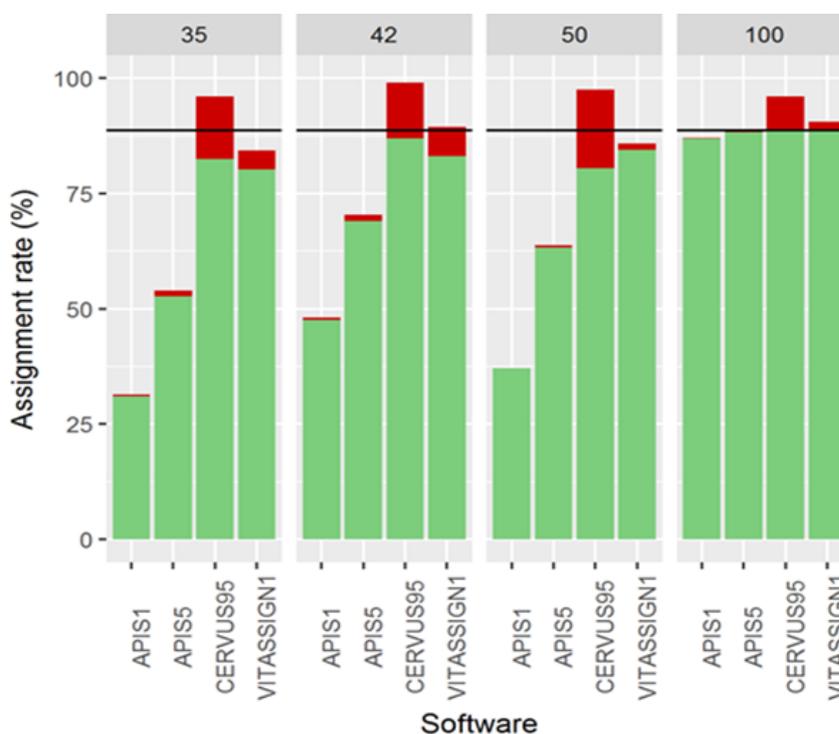
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
248 bits(274)	4e-64	141/144(98%)	0/144(0%)	Plus/Minus
Query 1	TGCAGGAACATTGTCTCTGCC	TTTCCACCATGCACCCAGCATGCAATGTTTTGCACCATGC	60	
Sbjct 2613028	TGCAGGAACATTGTCTCTGCC	TTTCCACCATGCACCCAGCATGCAATGTTTTGCACCATGC	2612969	
Query 61	AACTGCAGCGNACAAGGGCACAGCCACTGCCTGCAGCCTCCTCAATGCCTAAATTTGCAT	120		
Sbjct 2612968	AACTGCAGCGCGCAAGGGCACAGCCACTGCCTGCAGCCTCCTCAATGCCTAAATTTGCAA	2612909		
Query 121	GAAGGAGAGCTGCTCAAAACTCCC	144		
Sbjct 2612908	GAAGGAGAGCTGCTCAAAACTCCC	2612885		

Chez la truite, le développement du panel d'assignation de parenté SNP n'a pas abouti à cause de difficultés techniques rencontrées, dues d'une part à des spécificités du génome de la truite, d'autre part à des amorces initialement trop courtes (35 pb), rallongées à 60 pb par blast sur le génome de référence, mais qui ont donné de mauvais résultats au génotypage.

Chez les 2 espèces de canards, le bar et la daurade, le développement d'outil d'assignations de parenté est prévu dans les projets CanArrayV2 (collaboration avec l'INRA) et GeneSea (collaboration avec l'Ifremer), en marge du développement de puces de génotypages pour le canard commun et le canard de Barbarie, pour le bar, et pour la daurade. Les SNP pour les panels d'assignation seront choisis parmi les marqueurs des puces développées dans ces projets et le taux d'assignation de parenté sera vérifié sur des parents et des descendants de généalogie connue.

Dans le programme GeneSea, un logiciel d'assignation de parenté a été mis au point en langage R, dans le cadre de la thèse de Ronan Griot. Ce logiciel, APIS, a été conçu de façon à affranchir l'utilisateur de la réalisation des simulations couramment utilisées par d'autres logiciels pour définir le seuil de vraisemblance en deçà duquel les parents proposés pour l'individu à assigner seront rejetés. Le logiciel propose de définir ce seuil à partir des données fournies par l'utilisateur pour l'assignation, sans simulation. Le seul paramètre à renseigner par l'utilisateur est le taux d'erreur d'assignation accepté. Le logiciel a été testé sur des données réelles de bar géotypés et de pedigree connu, en générant *in silico* à partir de la puce 57K des panels SNP de 35, 42, 50 et 100 marqueurs, et en enlevant 0, 10% ou 50% des pères pour simuler une assignation avec parents manquants. Comparé à d'autres logiciels largement utilisés dans la communauté scientifique, le logiciel APIS a donné des résultats d'assignation aussi bons que les logiciels existants sans parents manquants. Dans des situations où des parents étaient manquants, APIS a donné de meilleurs résultats que les autres logiciels car il n'a pas proposé de fausses assignations (en rouge sur la figure 25).

Figure 27 : Pourcentage d'assignation obtenus avec différentes tailles de panels SNP (35, 42, 50, 100) et différents logiciels d'assignation (APIS avec 2 seuils de tolérance pour les erreurs d'assignation, Cervus, VitAssign), et avec 10% de pères manquants. Les assignations correctes sont représentées en vert, les assignations erronées sont représentées en rouge.

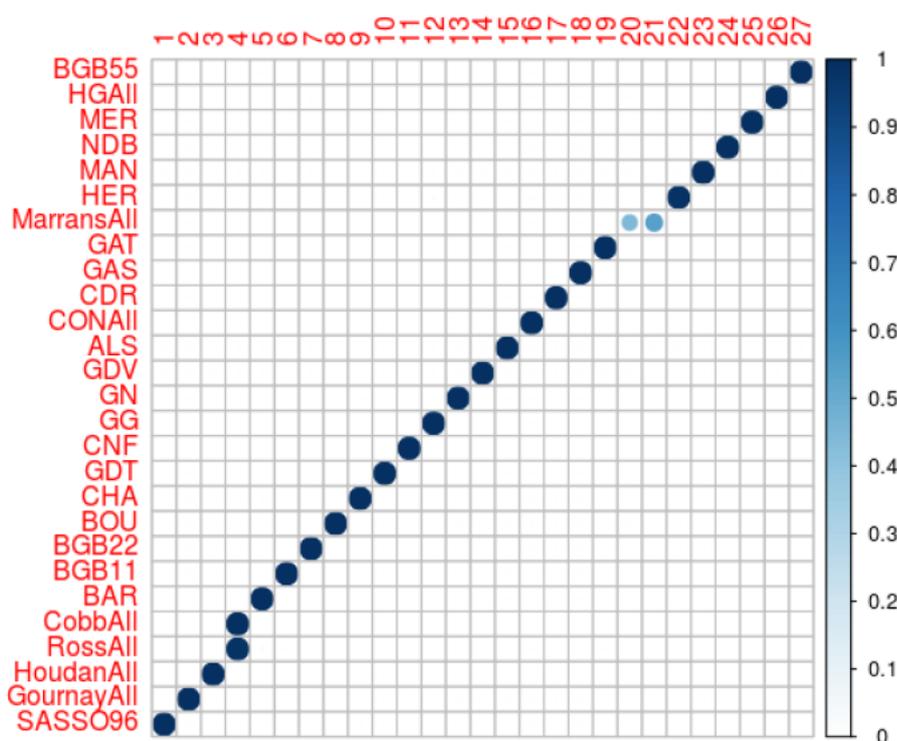


Chez la poule (RefGenDivA), la collecte des échantillons de lignées commerciales et de races locales pour les phases de développement puis de validation du panel entamée en 2017 s'est achevée en 2018. Au total, 7 races locales et 3 lignées commerciales ont été géotypées sur la puce Illumina 57K, et 11 races locales et 3 lignées commerciales seront disponibles pour la phase de validation. Pour le géotypage sur puce 57K (192 échantillons), il a été décidé d'analyser 6 à 7 trios père-mère-descendant par population. A ces données s'ajoutent des géotypages obtenus dans un précédent projet sur différentes races et lignées de poules. L'analyse des géotypages de ces 2 jeux de données est en cours pour le choix des marqueurs qui constitueront le panel. Pour le choix de marqueurs pour l'assignation à la race, des filtres de qualité stricts ont été appliqués sur les SNP : taux de géotypage > 0.999, et aucun SNP monomorphe. Ces filtres ont conduit à réduire la liste de marqueurs initiale de 57636 SNP à 12710 SNP. La seconde étape de tri a conservé uniquement les

SNP pour lesquels l'allèle minoritaire était fixé dans au moins une population, et fixé pour l'autre allèle dans au moins une autre population.

La liste de SNP conservé a ainsi été réduite à 841 SNP. Une 3^{ème} étape de tri a été appliquée avec une décomposition de la variance inter-races des génotypes, afin de ne conserver que les marqueurs contribuant le plus à la variance inter-race, en comparant tour à tour une race à toutes les autres. Ce tri a permis de sélectionner une liste restreinte de 93 SNP. Les marqueurs retenus ont été testés *in silico* sur les données de génotypage pour l'assignation à la race. Sur la base de cette liste de marqueurs, il est possible d'assigner 24 races des 27 races à 1 seul cluster (Figure 28). Pour la race Marans, la population est assignée à 2 clusters du fait d'une forte hétérogénéité dans la population. Au contraire, les lignées commerciales Cobb et Ross sont assignées au même cluster, ce qui peut être dû à la poursuite d'objectifs de sélection similaires dans ces 2 races sélectionnées pour la production de viande.

Figure 28 : Assignation à leur race de 27 populations de poules



L'objectif du projet étant le choix de 192 marqueurs pour un panel d'assignation de parenté et à la race, la sélection de marqueurs déjà réalisée laisse la possibilité de choisir 99 marqueurs de plus pour l'assignation de parenté. Une hypothèse formulée dans le projet, qui sera à vérifier, est que l'ajout de ces marqueurs pour l'assignation de parenté permettra d'améliorer les résultats déjà très satisfaisants d'assignation à la race.

C - Hybridation interspécifique

Le projet HybridationCaille (cofinancement Caillor et AgenAvi) est réalisé en collaboration avec l'INRA. Les marqueurs SNP ont été choisis à partir de séquences de cailles des blés (2 individus) et de cailles japonaises (20 individus). Plus de 1,7 millions de SNP ont ainsi été détectés parmi lesquels 41000 présentaient un polymorphisme permettant de distinguer les deux espèces (marqueurs spécifiques). A partir de ces derniers, 192 marqueurs ont été choisis en se basant sur la profondeur du séquençage ayant permis de les identifier, leur qualité et leur répartition sur l'ensemble du génome. Ces marqueurs ont été utilisés pour caractériser des populations plus larges de caille des blés et de caille japonaise (86 cailles des blés et 91 cailles japonaises). Les échantillons de cailles des

blés proviennent d'un précédent projet (prélèvements de chasse réalisés sur différents sites en France, en Espagne, et au Maroc) ainsi que d'une population maintenue à l'Université de Rennes. Les cailles japonaises sont issues de lignées commerciales (sélectionneur Caillor), de lignées expérimentales maintenues à l'INRA Val-de-Loire ainsi que de populations sauvages du Japon. La différenciation calculée par le F_{ST} entre les deux espèces sur la base de ces 192 marqueurs est de 0.80. Les 96 marqueurs présentant les valeurs de F_{ST} les plus élevés ont été choisis pour figurer dans un premier panel. Le F_{ST} multilocus calculée sur la base de ces 96 marqueurs atteint 0.93 et 32 d'entre eux sont diagnostics ($F_{ST}=1$).

Sur la base de ce panel, une méthode statistique a été développée afin de calculer pour un génotype donné la probabilité qu'il appartienne à l'une ou l'autre des catégories d'individus hybrides ou qu'il soit de l'une ou l'autre des espèces. Des travaux réalisés en simulation ont démontré que la méthode utilisée permet d'écarter dans 99% des cas les individus hybrides issus de rétrocroisement de 3^{ème} génération avec la caille des blés. Ce test a également été employé sur des individus provenant d'un élevage de caille des blés espagnol. Notre analyse montre que parmi les 22 individus génotypés, seulement 13 correspondaient à la référence caille des blés "pure". Depuis ce travail, un lot supplémentaire de 96 marqueurs a été testé sur les mêmes populations portant à 288 le nombre de marqueurs testés au total. Les 96 meilleurs marqueurs parmi ces 288 ont donc été utilisés pour caractériser le niveau d'hybridation de chaque individu d'une nouvelle population de caille. Un panel est d'ores et déjà fonctionnel et a permis de tester différents lots d'animaux. Des contacts ont été établis afin d'utiliser cet outil pour caractériser dans le cadre de collaborations à la fois des populations naturelles et captives (ONCFS, INRA, Privés) et/ou de le valider pour un usage réglementaire (ONCFS, InterproChasse).

3-4 Utilisation d'outils de génotypage haut débit pour la sélection des populations avicoles et aquacoles

(Thématique 2, Actions 2 & 4)

3-4-1 Objectifs du projet

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

3-4-2 Etat de l'art

A - SAM et sélection génomique

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

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

La mise en œuvre d'évaluations génomiques en routine nécessite l'obtention d'une génération sur l'autre de génotypes sur une liste de marqueurs SNP, afin de pouvoir estimer des matrices d'apparentement génomique entre l'ensemble des individus : parents, candidats, individus phénotypés si les candidats ne peuvent être mesurés pour le caractère d'intérêt (population de référence). L'utilisation de puces de génotypage est répandue dans les espèces citées précédemment et chez qui des évaluations génomiques sont réalisées en routine (ovins, bovins, poule, saumon). Parmi les espèces présentes au SYSAAF, seules 4 d'entre elles disposent de puces haute ou moyenne densité publiques et donc accessibles à tous les adhérents du SYSAAF : la poule (600K SNP, Kranis et al. 2013), la truite arc-en-ciel (57K SNP, Palti et al. 2015), l'huitre creuse et l'huitre plate (27K SNP huitre creuse + 11K SNP huitre plate, Gutierrez et al. 2017). La mise au point de ces outils est réalisée à partir de données de séquençage, c'est-à-dire par la lecture de fragments d'ADN, dans lesquelles des marqueurs SNP (polymorphisme d'un nucléotide au milieu d'une région identique dans un maximum de populations) sont recherchés. Si le génome de référence de l'espèce est disponible, les séquences sont alignées sur ce génome afin d'assurer une bonne couverture de l'ensemble des chromosomes. La bonne répartition des marqueurs sur l'ensemble du génome conditionne en partie les résultats de la sélection génomique, qui a été conceptualisée au début des années 2000 (Meuwissen et al. 2001), et qui fait l'hypothèse que la totalité des QTL (régions du génome ayant un effet sur un caractère) sont statistiquement liés à un marqueur SNP. Plusieurs espèces présentes au SYSAAF ne bénéficient pas encore de ce niveau de connaissance du génome, qui est un atout pour le développement des outils génomiques envisagés (esturgeon, daurade, turbot, canard de Barbarie).

C - Génomique et production sexée

Les mécanismes sous-jacents au déterminisme du sexe chez les poissons sont extrêmement variables et peuvent être soit hermaphrodites, principalement protandre, gynandre ou génétiques, soient environnementaux, soient génétiques et modulables par l'environnement (Baroiller and Guiguen, 2001). Les systèmes génétiques les plus fréquents sont soit des systèmes mono-factoriels à hétérogamétie mâle (comme chez les mammifères XX/XY), soit à hétérogamétie femelle (comme

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

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

A - SAM et sélection génomique

Chez la poule, l'intérêt d'évaluations génomiques pour des caractères de production d'œuf a été mis évidence chez un sélectionneur du SYSAAF avec un modèle de type single-step (Picard-Druet et al. 2018). Ces travaux ont été réalisés en utilisant des phénotypes observés sur des animaux de lignées pures. Ces lignées étant ensuite utilisées en croisement pour arriver au produit terminal, des tests de performances de filles croisées visent à vérifier la transmission du progrès génétique réalisé en lignées pures. La question s'est posée de valoriser ces données dans les évaluations génomiques, en intégrant dans un même modèle les performances mesurées en lignées pures et sur filles croisées. Des travaux de R&D ont donc dû être menés pour s'assurer de la pertinence du modèle envisagé, et pour vérifier si l'ajout de ces données dans l'évaluation permettait d'améliorer la précision des valeurs génétiques.

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.

La connaissance de l'architecture génétique d'un caractère permet d'adapter en conséquence le modèle d'évaluation génomique. Il a été montré chez plusieurs espèces aquacoles que des résistances à des maladies ou à des parasites étaient en grande partie déterminées par quelques régions du génome (Yáñez et al. 2014). Il est donc nécessaire de vérifier chez la truite, le bar et la daurade si les caractères d'intérêt (résistance aux maladies, reproduction, caractères de découpe et de qualité du produit) sont déterminés par l'ensemble du génome (caractères polygéniques) ou s'il existe des QTL à effets forts, et si ces éventuels QTL sont partagés ou non entre populations. Les mollusques sont eux aussi concernés par l'étude du déterminisme génétique de caractères de résistance aux maladies, l'identification de QTL pourrait permettre dans ces espèces d'envisager une sélection assistée par marqueur.

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

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

Pour la mise en œuvre d'évaluations génomiques chez le bar, la daurade, le canard de Barbarie et le canard Pékin, le développement de puces de génotypage haute ou moyenne densité est un prérequis. Chez l'huître une puce mixte huître plate et huître creuse a récemment été développée (Gutierrez et al. 2017), mais le taux élevé de mutation dans le génome de ces espèces augmente le risque d'obtenir des allèles nuls (allèles qui ne peuvent être lus à cause de mutations dans les amorces des marqueurs SNP), et le bon fonctionnement des marqueurs de cette puce doit donc être vérifié. Enfin chez l'esturgeon, le séquençage et l'assemblage du génome est nécessaire pour la cartographie des régions intervenant dans le déterminisme sexuel de cette espèce. Le caractère octoploïde du génome de l'esturgeon constitue un verrou technologique supplémentaire qu'il faudra lever.

C - Génomique et production sexée

Chez la truite, l'utilisation de la température pour la génération de néomâles à partir de femelles constitue une opportunité car cette technique permettrait de s'affranchir de l'utilisation d'hormones sur les reproducteurs. Les premières études n'avaient pas montré d'effet de la température, quelle que soit la durée d'expositions à la température, confirmant le rôle déterminant du système génétique XX-XY. Cependant, des travaux plus récents ont montré un effet des températures élevées (18°C) pouvant conduire à des déviations significatives du sex-ratio dans des familles standard (augmentation ou diminution de la fréquence de mâles selon les populations ; Magerhans 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 (Valdivia et al, 2014) et serait de plus héritable (Magerhans et Horstgen-Schwark, 2010). Cependant, aucune étude ne permet d'évaluer les corrélations éventuelles entre les taux de masculinisation aux différentes températures. En effet, l'étude de Magerhans et al. a été réalisée avec des familles standard dont le sex-ratio de base (1 :1) et est peu propice à la détection de petites déviations à température normale. Valdivia et coll. ont travaillé avec des familles monosexes femelles porteuses du caractère « male », beaucoup plus propices à la détection de faibles taux de masculinisation mais trop peu nombreuses et possédant un fond génétique particulier, ce qui ne

permet pas de généraliser les résultats obtenus. On ne sait donc pas s'il existe chez la truite des facteurs spécifiques de la sensibilité à la température conduisant à des fréquences élevées de masculinisation uniquement à température élevée. L'existence de facteurs de ce type serait favorable en pratique, car elle permettrait de combiner un fort taux de masculinisation à température élevée (pour produire les néomâles) sans augmenter notablement le risque de masculinisation dans leurs descendance élevée à température normale. Chez la perche, de 1^{ers} travaux de génotypage par séquençage (non publiés) ont permis de mettre en évidence des séquences spécifiques du sexe. Une séquence de 100 nucléotides a ainsi été identifiée, comportant en particulier un polymorphisme de type SNP qui est homozygote avec un allèle « G » chez les femelles et hétérozygote avec deux allèles « G/T » chez tous les mâles. L'hypothèse peut donc être faite que ce marqueur trace un gène causal et un verrou à lever est la découverte de ce gène, qui permettrait la mise au point d'un test génétique complètement fiable pour le sexage de la perche. Chez l'esturgeon, le caractère octoploïde du génome augmente la complexité de la recherche de régions déterminant le sexe, et un verrou à lever sera l'identification fiable de marqueurs SNP pouvant servir de base pour rechercher une association entre le sexe et les génotypes aux marqueurs.

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

A - SAM et sélection génomique

Dans le projet SG-Truite, (Thèse CIFRE de Jonathan d'Ambrosio), une population commerciale des Aquaculteurs Bretons a été challengée pour la résistance à l'IPN, une population sources de l'Avance a été phénotypée pour des caractères de découpe et une population Viviers de Sarrance a été mesurée pour des caractères de reproduction femelle. Le génotypage de ces populations sur puce 57K SNP a été effectué courant 2018 afin de déterminer l'architecture génétique des caractères et d'estimer le gain en précision éventuellement permis par la sélection génomique comparé à une évaluation classique. Les premiers résultats de gain de précision pour les caractères de reproduction sont donnés en figure 29. Plusieurs approches ont été testées pour quantifier le gain de précision apporté par la sélection génomique : effet de la taille de population de référence, effet du degré de lien génétique entre population de référence et population de validation, effet de l'ajout d'animaux phénotypés mais non génotypés. Ces résultats ont fait l'objet de présentation sous forme de poster scientifique ou de communication oral en congrès international. Enfin, des analyses de type GWAS ont été menées (exemple en Figure 30).

Figure 29 : Estimation des précisions de valeurs génétiques dans une population de truite arc-en-ciel pour différents caractères de reproduction avec (GBLUP) ou sans (BLUP) données génomiques.

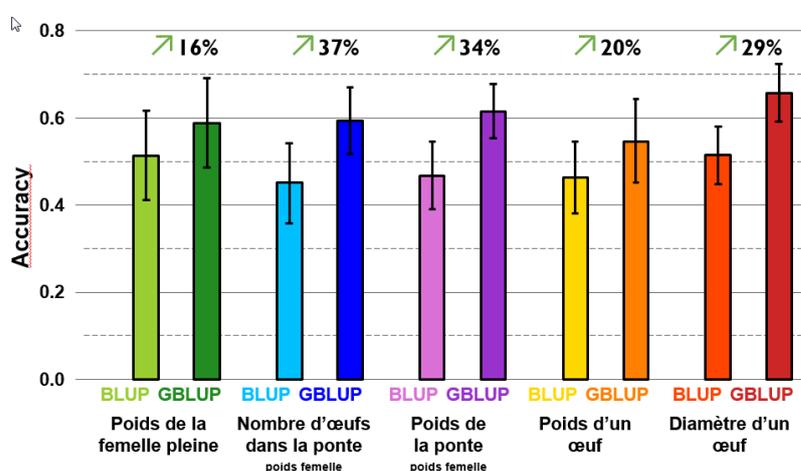
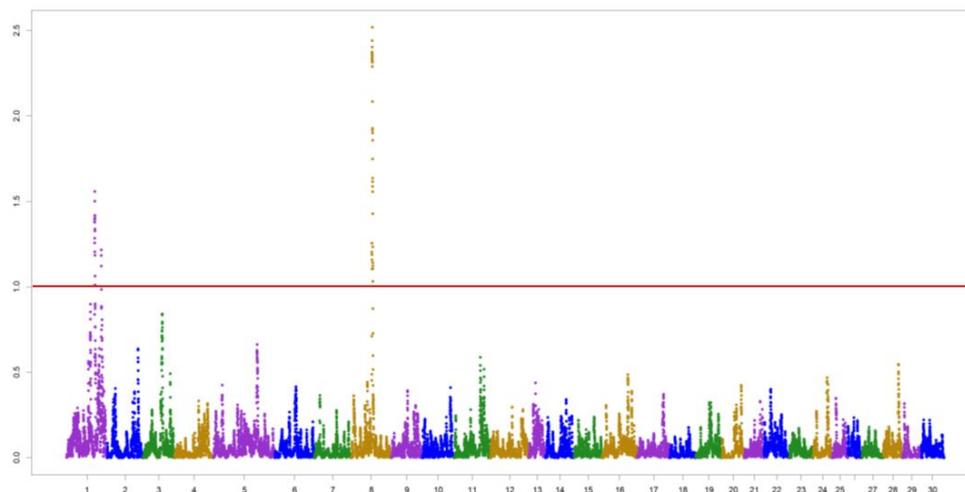


Figure 30 : Résultats d'une Genome Wide Association Study pour un caractère de reproduction : le poids moyen d'un œuf. Les différents chromosomes sont représentés avec alternance de plages de couleurs.



Toujours chez la truite, le test de la sélection génomique pour sélectionner sur la composition en acide gras de la chair sera réalisé dans le cadre d'Omega-Truite. Le génotypage des animaux sur la puce 57k a cependant été effectué en 2018.

Chez le bar, la R&D génomique porte sur la résistance à la pathologie VNN (Nécrose Nerveuse Virale). Dans le programme GeneSea, une puce de génotypage 57k marqueur a été développée et testée en 2018. Le génotypage de 1152 bars d'une population de la Ferme Marine du Douhet, de 1152 bars d'une population de l'Écloserie Marine de Gravelines et de 1152 bars de l'Ifremer a été effectué avec cette puce nouvellement développée (cf. ci-dessous). L'analyse des résultats est en cours dans le cadre de la thèse CIFRE (co-encadrement INRA-SYSAAF) de Ronan Griot. De plus, dans GeneSea, 1152 animaux issus d'un challenge pathogène à *Vibrio harveyi*, un autre pathogène, ont été génotypés.

Il est également prévu de travailler sur la résistance à la pasteurelle dans le programme GeneSea, sur une population de daurade de la Ferme Marine du Douhet. Le génotypage sera réalisé en 2019. Toujours sur la daurade, le projet PerformFish va permettre de tester la sélection génomique dans une population de la Ferme Marine du Douhet pour des caractères d'efficacité alimentaire individuelle en 2019.

Chez l'huitre creuse, des travaux de R&D génomique sont en cours sur la résistance à l'herpès virus OsHV-1. Les génotypages réalisés dans le programme GenOyster n'ont pas permis la validation de QTL précédemment mis en évidence pour la résistance à OsHV-1, par comparaison d'individus survivants avec leurs parents. La recherche d'associations entre marqueurs SNP et résistance chez l'huitre creuse se poursuit dans le programme Vivaldi.

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

En 2017, les analyses par cytométrie de taille de génome chez des poules white-leghorn avait montré de la variabilité de taille de génome intra et inter lignées, et des animaux extrêmes de chaque lignée devaient être séquencés. Le séquençage a été réalisée, mais la qualité des résultats n'a pas permis l'étude des variants structuraux. Ce sont donc des données issues de bases de données publiques qui ont été utilisées dans ce projet. Les variants structuraux, et en particulier les CNV ont été comparés entre la poule rouge de jungle (ancêtre sauvage) et des races et des lignées de poules domestiques. L'analyse des CNV a été réalisée à l'aide de CNVator, en se limitant aux régions pouvant être alignées sur le génome de référence de la poule. Les résultats montrent que

les variations de taille de génome ne peuvent être causées par des éléments transposables. En revanche, des variations structurales significatives sont causées par des ADNr, des répétitions au niveau des télomères, des centromères, et de l'ADN satellite subtélomérique, ainsi que par des duplications de segments chromosomiques. Une partie de ces variations serait due à la domestication de la poule, et une autre à la sélection réalisée intra-race ou lignée.

Chez le canard, Le séquençage entamé en 2017 a été poursuivi début 2018 afin de compléter les données de séquences déjà obtenues. Un séquençage en mélange de 50 animaux par population a été réalisé sur des animaux échantillonnés parmi des populations françaises de canard colvert, de canard de Rouen, de canard Pékin et de canard de Barbarie. Compte-tenu de l'absence du chromosome W dans les deux génomes de référence des canards Pékin et de Barbarie, seuls des mâles ont été prélevés, à l'exception des Colverts pour lesquels des échantillons mâles et femelles ont été fournis. Les bibliothèques de séquençage ont été réalisées avec le kit TruSeq DNA PCR, et les pools ont été séquencés avec la technologie Illumina HiSeq3000 à une profondeur de 50X. Les séquences obtenues dans les différents pools ont été alignées sur les génomes de référence correspondants, les alignements triés, puis les duplicats de PCR ont été marqués. Les fréquences alléliques ont été estimées, et seules les positions pour lesquelles au moins une population présentait un allèle différent de celui connu dans le génome de référence ont été conservées. Un total de 9,2 millions et 23,6 millions de loci polymorphes ont été identifiés chez le canard de Barbarie et le canard commun respectivement. Le nombre de loci polymorphes plus élevé chez le canard commun est dû au séquençage de populations très différenciées : le Colvert et le Rouen d'une part (environ 14 millions de SNP identifiés), et les lignées de canard Pékin d'autre part (environ 9 millions de SNP identifiés). Les SNP bi-alléliques polymorphes ont été sélectionnés dans les régions de couverture > 25X (plus de 25 lectures validées pour le locus), filtrés afin de ne garder que ceux à +/- 50 pb d'une insertion-délétion, et distants d'au moins 35 paires de bases d'un autre SNP (contrainte due à la longueur de l'amorce mise au point par Thermo Fisher). Finalement, les SNP retenus ont été alignés sur les génomes de référence des espèces correspondantes sur une longueur de 71 pb (le polymorphisme et 35 bases de part et d'autre), et seuls les alignements uniques ont été conservés. Un jeu de SNP communs aux deux espèces a également été identifié en alignant les séquences flanquantes des marqueurs identifiés chez les canards communs et de Barbarie.

Le choix des SNP a tenu compte de leur répartition sur le génome pour différents niveaux de MAF (Minor Allele Frequency) donnés. La distance idéale entre 2 SNP a été estimée à 1,6 kb (600K marqueurs pour couvrir 1 Gb). Le choix des SNP a été réalisé en plusieurs étapes : il y a eu dans un 1er temps un choix de SNP avec une MAF $\geq 0,15$ dans 75% des populations et répartis sur l'ensemble du génome, puis l'ajout de SNP avec le même critère de MAF dans 60% des populations, et enfin de SNP avec une MAF d'au moins 0,05 toutes populations confondues.

Le tableau 9 présente le nombre de SNP conservés à l'issue de chaque étape de sélection. A noter que pour l'élimination des SNP trop proches les uns des autres, les loci polymorphes des Colvert n'ont pas été pris en compte car ils auraient conduit à l'élimination d'un trop grand nombre de marqueurs du canard commun. En revanche, ces lignées ont été utilisées pour calculer les MAF et la répartition sur le génome des loci conservés. Les listes finales de SNP soumises à Thermo Fisher comptaient 472K SNP pour le canard commun, et 446K SNP pour le canard de Barbarie. Seuls 1K SNP commun aux 2 espèces ont été identifiés dans ces 2 listes. A l'issue d'échanges avec Thermo Fisher basés sur des tests réalisés sur les amorces in silico, un total de 673 886 SNP seront présents sur la puce : 343 950 SNP pour le canard commun, et 331 241 SNP pour le canard de Barbarie.

Tableau 9 : Nombre de loci conservés pour la construction de la puce à chaque étape de tri.

Tri réalisé	Nombre de SNP chez le canard commun	Nombre de SNP chez le canard de Barbarie
Loci polymorphes dans au moins une population	23,6M	9,2M
Absence d'indel à au moins 50 pb	12,6M	6,2M
Suppression des SNP séparés par moins de 35 pb	8,1M	4,5M
SNP bi alléliques & profondeur de lecture comprise entre 25 et 100	8,0M	4,4M
Ségrégation dans au moins 75% des populations & MAF > 0,05	2,2M	2,0M
Alignement unique sur le génome de référence	2,1M	1,9M
Répartition sur le génome en fonction de la MAF	472K	446K

Chez la daurade (GeneSea), un génome de référence a été publié en 2018. En parallèle dans le programme GeneSea, un séquençage de haute qualité a été effectué. Les techniques retenues pour le séquençage ont été le Minlon Oxford Nanopore, afin d'obtenir de longues séquences d'ADN pour l'assemblage. L'extraction d'une quantité suffisante d'ADN de bonne qualité s'est révélée problématique à cause de la fragilité de l'ADN. Afin de ne pas retarder l'obtention de la puce 57K daurade, les analyses pour l'identification des marqueurs SNP a été lancée parallèlement à la tâche d'assemblage du génome, en utilisant un génome publié après le début du projet. Les données pour l'obtention des SNP sont les séquences de duos père-descendants fournis par la Ferme Marine du Douhet. Ces séquences ont subi les mêmes types de filtres qualité que ceux appliqués chez le bar (travaux de R&D décrits dans le dossier CIR 2017).

Chez l'huitre, le test de la puce mixte huitre plate huitre creuse a été effectué dans le programme GenOyster. Cette puce a été testée sur 4 populations en sélection des entreprises de sélection SATMAR, Marinove, Vendée naissain et Novostrea. Les principaux résultats sont que ces populations présentent de l'ordre de 20400 à 22500 marqueurs variables, soit l'équivalent des populations anglo-saxonnes testées. Les populations françaises diffèrent des populations anglo-saxonnes. Sept familles biparentales dans lesquelles le pedigree a été vérifié via le panel produit dans GigADN ont aussi été génotypées. Sur les 40675 SNP spécifiques de l'huitre creuse, il a été montré que 23486 SNP étaient de bonne ou de très bonne qualité en terme de taux de génotypage et de fréquence allélique, et que parmi ces SNP seulement 16133 SNP ne présentaient pas d'incohérences entre parents et descendants (erreurs de ségrégation mendélienne). De plus en 2018 a été déposé un projet FEAMP pour tester l'intérêt de la sélection génomique pour l'amélioration des caractères de qualité et de croissance de l'huitre creuse.

Enfin chez l'esturgeon sibérien, la production d'un individu approprié pour la réalisation du séquençage est en cours dans le projet SiberSex soutenu par le FEAMP. Sur l'esturgeon gulden, un projet FEAMP (S'STURGEON) a été déposé et financé en 2018 pour un début en 2019. Il prévoit le séquençage du génome du gulden, ainsi que le développement d'une puce de génotypage bi-espèce sibérien/gulden.

C - Génomique et production sexée

Dans le projet NéoBio deux lots de truites monosex femelle ont été élevés à la Pisciculture Murgat (adhérente au SYSAAF) à deux températures différentes (12 et 18°C). Plus de 10 000 poissons de chaque lot ont été sexés en 2018 afin de déterminer la fréquence d'inversion sexuelle spontanée. Un sous échantillonnage de ces animaux a été génotypé sur puce 57k afin de trouver les déterminants génétiques de l'inversion sexuelle spontanée par GWAS. Les résultats sont en cours d'analyse par l'INRA.

Pour les projets SiberSex et Sex'N'Perch les travaux permettant de développement de marqueurs génétiques du sexe sont en cours.

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

(Thématiques 1 & 2, Objectif opérationnel 5)

3-5-1 Objectifs du projet

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

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

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

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

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

A - Logiciels de saisies des données : InfAvi et InfAqua

InfAvi et InfAqua sont des applications "métiers" très liées au travail spécifique de sélection, non disponibles commercialement, qui sont développées spécifiquement pour les adhérents du SYSAAF dans un processus interactif de mutualisation. Les grandes différences entre l'élevage avicole (identification individuelle possible dès l'éclosion, élevage au sol, en cages individuelles ou en cages collectives) et l'élevage aquacole (identification individuelle impossible avant atteinte d'une taille minimale, élevage en bassins successifs ou en lots) justifient l'existence de programmes dédiés spécifiquement aux acteurs avicoles (InfAvi) et 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

de travail. Ces logiciels permettent aux adhérents du SYSAAF de saisir et de gérer leurs données de sélection, en disposant pour cela de bases de données développées sous Access, de programmes de saisie spécifiques et d'un ensemble de procédures d'import/export/transformation de données 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 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...

Afin de pouvoir gérer ces nouveaux types de données, il a été nécessaire d'envisager modifier en profondeur l'architecture des logiciels InfAvi et InfAqua, incluant :

1. de nouvelles structures d'enregistrement de la généalogie,
2. l'adaptation aux données répétées,
3. l'identification et saisie des échantillons transmis en plaque,
4. la quantification en nombre et surface de nouveaux caractères par analyse d'image.
5. l'introduction de nouveaux caractères mesurables, par exemple issus des programmes de recherches (Cf. Axes 1 et 2)

En 2018, de nouvelles versions d'InfAvi (V9.9.1 à V9.9.5) et d'InfAqua (V8.055 à V8.062) ont été développées et déployées sur le terrain en respectant la chronologie des étapes suivantes :

1. Elaboration d'un cahier des charges, incluant la réalisation de tests dans des contextes expérimentaux,
2. Interactions avec le prestataire et réalisation d'une version "bêta",
3. Test expérimental de chacune des fonctions par le SYSAAF et interactions en feed-back avec le prestataire pour résoudre les problèmes lorsque les résultats sont incohérents,
4. Mise en place et testage expérimental approfondi sur un site terrain "pilote",
5. Nouvelles interactions avec le prestataire et préparation d'une version "terrain" pour une utilisation en routine,
6. Installation chez l'ensemble des adhérents,
7. Organisation d'une session de formation aux nouvelles fonctionnalités d'InfAvi, dispensée conjointement par le SYSAAF et son prestataire informatique (HIZKIA) au 1er trimestre 2018,
8. Organisation d'une session de formation au logiciel InfAqua, dispensée par le SYSAAF et ouverte à tous ses adhérents, à l'automne 2018.

Un projet de recherche a de plus été déposé au titre de la mesure 50.c du FEAMP 2018, en vue d'engager des développements importants permettant de passer à la version v9 du logiciel InfAqua. Le passage à cette version 9 est attendu par les utilisateurs (adhérents et collaborateurs du SYSAAF), et doit notamment permettre les éléments suivants :

1. Une prise en main et une utilisation facilitée pour les sélectionneurs, après refonte générale de l'ergonomie,

2. Une base de données adaptées aux données de génotypage, en lien avec le passage à la sélection génomique chez certains sélectionneurs,
3. Le développement et l'intégration de nouveaux modules spécifiques devant répondre à de nouveaux besoins des sélectionneurs aquacoles (module de saisie des challenges pathologiques, module de gestion des stocks de gamètes cryoconservés, etc...).

B - Chaîne commune de traitement des données (KOALA)

Comme pour les outils précédents, il n'existe pas d'outil commercialement disponible permettant d'organiser le traitement des données (indexation et accouplements raisonnés) et les collaborateurs en charge de ces traitements utilisent le plus souvent des procédures développées spécifiquement à l'aide de langages tels que R ou SAS, associées à la manipulation de nombreux fichiers. Cette approche empirique est la fois très chronophage et une source potentielle d'erreurs. Pour y pallier, une chaîne de traitement des données "KOALA" commune aux secteurs avicoles et aquacoles a été développée spécifiquement pour les besoins expérimentaux des ingénieurs généticiens du SYSAAF. Cette chaîne intègre un pack logiciel avec une interface commune communiquant avec les bases de données InfAvi et InfAqua qui diffèrent très sensiblement l'une de l'autre, adossée à une base de données propre à KOALA. KOALA est opérationnel depuis fin 2013 (V1.01), néanmoins de nombreux développements sont effectués chaque année pour l'adapter aux spécificités des données commerciales de l'ensemble des adhérents du SYSAAF, ainsi que les données expérimentales acquises dans le cadre des programmes de recherche. Ces développements permettent de répondre à des besoins émergents, mais également d'en accroître les fonctionnalités et/ou l'efficacité permettant de rationaliser la réalisation de nos activités de recherche à caractère biologique. 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" (**V2.09**) permet de préparer les fichiers d'entrée (pedigrees, données brutes et transformées, paramètres génétiques) aux formats spécifiques, nécessaire pour utiliser les différents programmes statistiques d'indexation et d'accouplements raisonnés utilisés au SYSAAF (**PackOptiVar**). Elle permet également d'y intégrer en retour les paramètres génétiques, les listes de candidats choisis ou les plans d'accouplements résultant de l'utilisation de ces logiciels. La traçabilité sous-jacente des opérations réalisées permet à tout collaborateur de consulter toutes les informations relatives aux différents traitements réalisés sur les données à chaque génération pour toutes les lignées et dans les expérimentations des programmes de recherche.

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

En 2018, 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 2.09**) d'améliorations dont les principales ont eu pour but :

1. Une rapidité accrue d'exécution des statistiques et la création d'outils de visualisation permettant d'optimiser la fiabilité des traitement et choix, associé à un meilleur confort d'utilisation,
2. La poursuite de l'intégration d'interfaces avec de nouveaux programmes d'évaluation génétique, en particulier la suite logicielle F90 (remf90, blupf90, thr gibbsf90).

3. L'intégration de la sélection génomique.

C - Evolutions majeures de la chaîne d'évaluation génétique :

En 2018, les capacités de la chaîne d'évaluation génétique (KOALA) ont été enrichies avec de nombreuses nouvelles procédures. Avant d'y être intégrés, les chercheurs du SYSAAF réalisent une recherche bibliographique afin d'identifier les logiciels disponibles au regard de leur problématique et les testent comparativement avec une rigueur scientifique sur des jeux de données variées afin d'évaluer la pertinence des résultats. Selon, les résultats de ces tests et l'intérêt pratique pour le SYSAAF, ceux-ci ne sont parfois pas intégrés à la chaîne de traitement ou ne le sont qu'après un travail d'adaptation fonctionnelle avec réécriture dans un langage compatible pour son intégration fonctionnelle. Les principales nouvelles procédures intégrées sont les suivantes :

1. Analyse des valeurs aberrantes (ANALYSE_OUTILERS) : Cette procédure est basée sur la distance de Cook (D) qui est utilisée en tant que mesure de l'effet d'un point de donnée sur la courbe de régression linéaire ajusté aux données selon la méthode des moindres carrés (Cook, 1977).
2. Définition de seuils de valeurs aberrantes (ANALYSE_SEUILS_OUTLIERS) : Cette procédure renforce la première en permettant à l'opération de définir, de manière automatique, les seuils au-delà ou en deçà desquels un point de donnée est considéré aberrant par rapport à l'ensemble. Cette procédure propose deux méthodes. La première est celle de Hampel (Hampel, 1971) qui est basée sur la médiane et la médiane des déviations absolues par rapport à la médiane (MAD). Cette méthode est considérée plus robuste que les méthodes basées sur la moyenne et l'écart-type. La deuxième méthode est celle de Tukey (Tukey, 1977). Cette méthode est basée sur l'intervalle interquartiles et désigne les valeurs en dehors de cet intervalle comme valeurs aberrantes.
3. Normalisation de données (NORMALISATIO_DATA): Les méthodes statistiques utilisées dans le cadre de l'évaluation génétique nécessitent que les données suivent la loi normale en termes de distribution. Souvent, les données de la sélection sont en déviation par rapport à la normalité ce qui amène l'opérateur à y appliquer une transformation afin de les rendre normales. La procédure qui a été intégrée dans la chaîne Koala en 2018 propose plusieurs transformations :
 - a. La transformation de Lambert (Goerg, 2014).
 - b. La transformation en arcsinh : $\log(x + \sqrt{x^2 + 1})$.
 - c. La transformation Box-Cox (Box and Cox, 1964).
 - d. La transformation de Yeo-Johnson (Yeo and Johnson, 2000).
 - e. La transformation en quantiles ordonnés (Beasley et al., 2009).
 - f. La transformation exponentielle.
 - g. La transformation logarithmique.

L'ensemble de ces transformations peuvent être appliquées à un phénotype données. La procédure, une fois appliquée, renvoie les résultats sous forme de synthèse numérique ainsi que graphique afin de faciliter le choix de la transformation la plus approprié au phénotype analysé à l'opérateur.

4. Analyse des patterns de valeurs manquantes dans les données de sélection (NA_PATTERNS_ANALYSIS): Une des caractéristiques que l'on constate dans les données de sélection est la présence de valeurs manquantes. Quand les données manquantes sont générées de manière complètement aléatoire, elles sont gérables alors que quand l'absence de ces données n'est pas aléatoire, elles nécessitent une étude approfondie afin d'en comprendre les causes. Cette procédure a pour objectif de réaliser l'analyse des patterns d'absence de données dans les jeux de données analysés afin d'aider le chercheur à gérer les

données manquantes de manière à ne pas compromettre la fiabilité des résultats. Cette procédure est basée sur la méthode expliquée dans (Van Buren and Groothuis-Oudshoorn, 2011).

5. **Vérification de convergence des modèles d'évaluation génétique (CONVERGENCE_VCE, CONVERGENCE_REMLF90)** : Ces deux procédures sont basées sur l'analyse graphique du profil de la fonction de vraisemblance. Elles permettent de juger si un modèle ajusté aux données a bien convergé sur les paramètres et les valeurs génétiques optimaux.
6. **Création de rapports automatiques (REPORT_COMPARE_PROPSSEL)** : Cette procédure a pour objectif de compléter la procédure de comparaison des simulations de choix de reproducteurs. Grâce à cette procédure, l'opérateur est capable de créer en quelques seconde une synthèse numérique ainsi que graphique de multiples simulations de sélection. Ce rapport est destiné aux partenaires et/ou adhérents du SYSAAF et aide ces derniers dans l'orientation de leurs objectifs de sélection.
7. **Estimation de la taille efficace des lignées/populations des espèces avicoles et aquacoles gérées en pedigree (NE_PEDIGREE)** : Une des missions majeures du SYSAAF est la préservation de la variabilité génétique et la pérennisation de la capacité à sélectionner les lignées (populations) dont la gestion lui est confiées. Grâce à cette procédure, le chercheur peut interroger la base de données du SYSAAF, récupérer la généalogie d'une des lignées d'un adhérent SYSAAF, réaliser l'analyse et l'estimation de la taille efficace selon les méthodes suivantes :
 - a. La taille efficace basée sur la parenté moyenne (Cervantes et al., 2011).
 - b. La taille efficace basée sur la consanguinité moyenne (Guitérrez et al., 2008).
 - c. La taille efficace basée sur le sexe ratio (Falconer and MacKay, 1996).

La taille efficace peut ainsi être estimée par génération ou annuellement. La procédure produit une synthèse numérique et un autre graphique montrant l'évolution de la taille efficace au fil des générations ou au fil des années. Ces synthèses aident à mieux conseiller les adhérents du SYSAAF par rapport à la gestion optimale de la variabilité génétique au sein de leurs lignées/populations.

Alors que les procédures ou outils précédents ont été intégrés dans le soft de la chaîne de traitement, ou couplés, d'autres sont disponibles et utilisés indépendamment du moins dans un premier temps. Au cours de l'année 2018, plusieurs outils indépendants ont également été développés :

8. **INVTRANS** : Les transformations de normalisation appliquées aux données brutes entraînent le changement de l'échelle à laquelle le phénotype est exprimé. La possibilité d'inverser les transformations et de remettre les valeurs génétiques à l'échelle originale du phénotype était la motivation derrière le développement de ce package. Désormais, les chercheurs du SYSAAF ont la capacité d'inverser ces transformations ce qui est souvent demandé par les sélectionneurs. Ce package est utilisable dans l'environnement R.
9. **Describe** : Statistiques descriptives à la ligne de commande. Au cours de la réalisation de l'évaluation génétique, nous avons régulièrement besoin de vérifier rapidement la cohérence des données à analyser, en particulier les statistiques descriptives sur une variable numérique sans devoir utiliser d'outils sophistiqué. Ce constat a motivé le développement de Describe qui est un logiciel permettant de prendre connaissance des statistiques descriptives simples ou complexe sur une ou plusieurs variables numériques ou catégorielles d'un fichier de données. Le logiciel est également capable de fournir des statistiques descriptives calculées selon les modalités d'un effet donnée. Par exemple, il est possible de calculer des statistiques descriptives simples ou complexe sur un phénotype comme le poids vif mais, il est aussi possible toujours grâce à Describe, de calculer ces statistiques par lot de naissance ou par sexe ou selon n'importe quel autre facteur de variation. Describe est extrêmement rapide car il est

entièrement programmé en C++. En moins de quelques secondes, il est possible de vérifier n'importe quel phénotype dans n'importe quel fichier de données sans avoir besoin d'utiliser d'autre outils que Describe et les résultats peuvent être écrits dans un fichier de format TXT.

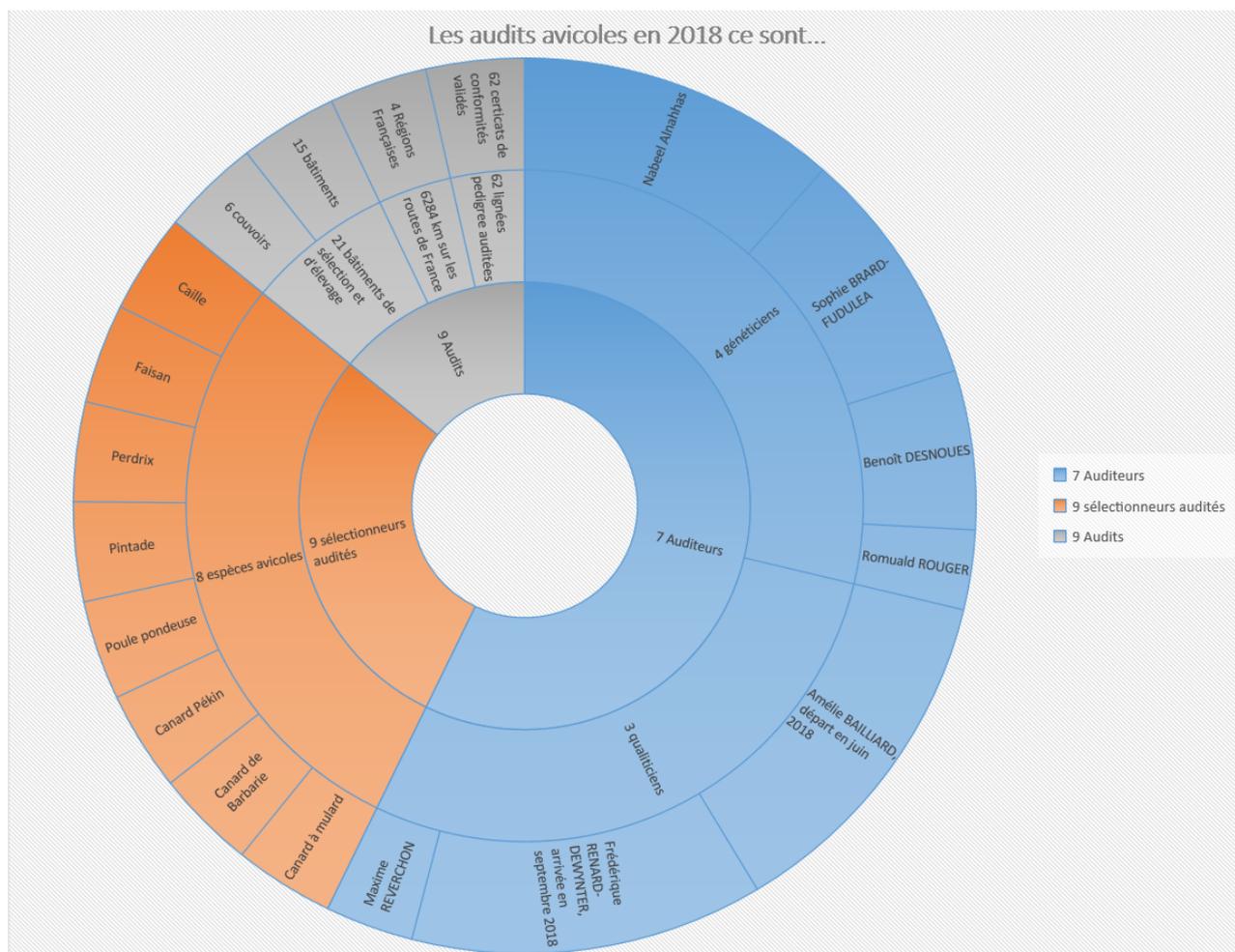
- 10. PloidyAGH** : Calcul des matrices d'apparentement chez les espèces autoploïdes. L'évaluation génétique des espèces polyploïdes nécessite de tenir compte du fait qu'elles disposent de plus de deux copies de chaque chromosome. Quand une cellule somatique contient seulement deux copies (*i.e.* une paire) de chaque chromosome, elle est diploïde ($2n$) alors qu'une cellule polyploïde en contient de multiples copies ($4n, 8n.., etc...$). Si l'évaluation génétique ne tient pas compte de ce fait, les résultats de l'évaluation et notamment l'estimation des paramètres et des valeurs génétiques seront biaisés (Slater, 2013 ; Kerr et al., 2012). Le logiciel ploidyAGH permet de calculer ces trois types de matrices d'apparentement tout en tenant compte de la polyploïdie en éliminant la source de biais sur les résultats. Ce logiciel permet de calculer des matrices d'apparentement basées sur la généalogie (la matrice d'apparentement de l'effet additif **A** et la matrice d'apparentement de l'effet de dominance **D**), des matrices d'apparentement basées sur les données génomiques **G** (la matrice de variance additive et la matrice de variance non-additive). Le troisième type de matrice d'apparentement que l'on peut calculer avec ploidyAGH est la matrice d'apparentement combinant les informations généalogiques et génomiques (la matrice **H**). Ce type de matrice d'apparentement est utilisé dans la méthode de Single-Step de l'évaluation génomique. Une fois calculée, la matrice d'appartenance issue de ploidyAGH est écrite dans un fichier d'un format acceptable par de multiples logiciels d'évaluation génétique et génomique. Cela permet aux ingénieurs SYSAAF en charge des travaux de sélection, notamment ceux des espèces aquacoles polyploïdes, de réaliser ces travaux tout en restant dans le cadre de la chaîne de traitement **KOALA**. Un des points forts de ce logiciel est la capacité à calculer les différentes matrices d'apparentement non seulement pour les espèces polyploïdes mais aussi pour les espèces diploïdes. Pour ce faire, il suffit de préciser que le niveau de ploïdie est de 2 ($2n$). Cela permet aux ingénieurs SYSAAF travaillant sur d'autres espèces que les autoploïdes de se servir de ce logiciel. La méthodologie de calcul est basée sur les travaux d'Amadeu et al. (2016), Slater (2013) et Kerr et al. (2012).

IV - Autres missions et services du SYSAAF

4-1 Référentiel et Audits

En 2018, 9 audits ont été réalisés dont 7 dans le cadre de la convention tripartite SYNALAF/OC/SYSAAF. Soit en moyenne 69 heures par mois consacrées, entre autre, à la réalisation des audits, à la rédaction des compte-rendu et des certificats de conformités. Les audits se sont déroulés de février à novembre 2018. Chaque audit mobilise 2 personnes, un auditeur qualicien, et un auditeur généticien. L'année a été riche en formation du personnel. En effet, les 2 et 3 juillet 2018, 9 salariés SYSAAF dont 5 personnes de Nouzilly et 4 de Rennes, ont suivi la formation à l'audit des sélectionneurs de lignées avicoles dispensée par M. Lionel Martelin, formateur ingénieur QSE. Ensuite, 3 auditeurs ont suivi des audits avicoles, dans un premier temps en tant qu'observateurs : Mme Frédérique Renard-Dewynter et M. Maxime Reverchon à titre d'auditeurs qualiciens et M. Romuald Rouger à titre d'auditeur généticien. Mme Frédérique Renard-Dewynter et M. Romuald Rouger ont terminé leur formation en réalisant pleinement un 2^e audit sous le regard d'un autre auditeur tuteur du SYSAAF. M. Maxime Reverchon finira sa formation au cours du 1^{er} semestre 2019 afin de pouvoir suppléer, en cas de besoin, Mme Frédérique Renard-Dewynter qui reste la responsable des Audits.

Voici ce qu'impliquent les audits en quelques chiffres :



Le règlement intérieur du SYSAAF stipule que pour être adhérent chaque sélectionneur doit avoir au moins une lignée conforme au référentiel RefAvi-SYSAAF « Mode de sélection des lignées et de production de reproducteurs parentaux avicoles ».

Depuis 2012, sous réserve de conformité, la fréquence des audits réalisés par le SYSAAF a été fixée, dans le cadre de la convention tripartite établie entre le SYNALAF, le SYSAAF, et les

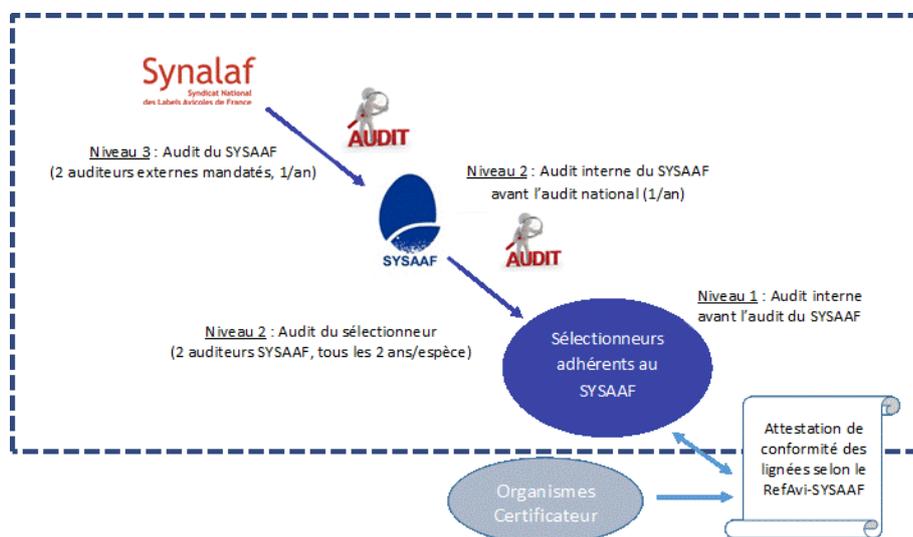
Organismes Certificateurs, à un audit tous les deux ans. Cette fréquence permet de respecter le délai triennal des audits des sélectionneurs définis dans les notices techniques « volailles fermières de chair Label rouge » et « œufs et poules fermières Label Rouge » en vigueur (INAO, 2012). Cette organisation permet de limiter le nombre d’audits auxquels les sélectionneurs sont soumis ; en l’occurrence un audit par le SYSAAF, au lieu de l’être individuellement pour chacun des 5 Organismes certificateurs (OC).

La réunion de bilan des audits 2018 du SYSAAF s’est tenue le 18 janvier 2019 dans les locaux du SYNALAF à Paris. Elle concernait le SYNALAF, les auditeurs nationaux, les OC et le SYSAAF. Les auditeurs nationaux ont souligné que « malgré les changements importants dans les personnels impliqués dans la démarche de certification en 2018 » aucun écart n’a été identifié, ainsi que « le travail d’audit du SYSAAF auprès des sélectionneurs continue d’être rigoureux quant à l’analyse de la conformité au référentiel ». Le RefAvi-SYSAAF version 18.1 tient compte des évolutions des seuils de référence des effectifs de candidats et descendants mis en place depuis février 2018, ainsi que son plan de contrôle, PDC, ont été validés avec le SYNALAF, et distribués à tous les adhérents avicoles. Toutes les procédures d’audit ont également été mises à jour.

La convention tripartite a toutefois été dénoncée par le SYNALAF fin 2017, pour non-conformité aux exigences européennes. Les Conditions de Productions Communes (CPC) Label Rouge « Volailles fermières de chair, viandes de volaille et préparations de viande de volaille » et « Produits à base de viande de volaille fermière de chair » ont été publiées le 11 avril 2019 au bulletin officiel du Ministère en charge de l’Agriculture et de l’Alimentation. Dans la pratique, rien ne changera pour les sélectionneurs et le haut niveau d’exigence restera maintenu. L’attestation de conformité au référentiel SYSAAF sera par contre contrôlée par les Organismes Certificateurs lors de leur audit annuel des couvoirs. Les OC ne seront plus convoqués à la réunion de bilan annuelle relative aux volailles de chair qui ne concernera plus que le SYNALAF, les auditeurs nationaux et le SYSAAF (Figure 31). Les Conditions de Productions Communes (CPC) pour la production œufs et les poules fermières Label Rouge, n’ayant pas été validées à ce jour, la procédure antérieure reste d’actualité pour cette filière œuf de consommation.

Par ailleurs, outre pour le fait d’être adhérent SYSAAF et avoir la qualification de sélectionneur avicole SYSAAF, le respect du référentiel 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.

Figure 31 : Nouvelle organisation fonctionnelle des audits avicoles pour la conformité des productions volailles de chair Label Rouge à compter de 2019.



4-2 Prestations et/ou Services adhérents et externes

L'agrément du SYSAAF pour le "Crédit Impôt Recherche" (CIR) étant à échéance fin 2017, une demande de renouvellement de cet agrément avait été transmise au cours du 4^{ème} trimestre 2017 au service du Ministère en charge de la Recherche. Cette demande a été validée et l'agrément renouvelé pour une période de 5 ans (2018-2022). Les adhérents et autres acteurs, pour lesquels le SYSAAF réalise des travaux de recherche et développement, peuvent-ils continuer à bénéficier de cet avantage au taux de 30% sur le montant des factures émises par le SYSAAF. Il convient qu'ils puissent néanmoins faire état de dépenses en interne pour un montant correspondant à au moins 30% du montant global déclaré pour le programme de R&D concerné.

Diverses prestations sont réalisées par les agents du SYSAAF pour les adhérents, le plus souvent dans un cadre confidentiel. Par ailleurs, le SYSAAF coordonne et/ou réalise les opérations de sauvegarde de ressources biologiques, par congélation de semences et/ou de larves pour un stockage en cryobanque. Le service technique aquacole propose également des analyses de ploïdie en cytométrie de flux (Annexe 9) et de challenges à des pathogènes (Plateforme Fortior-Genetics). En 2018, le SYSAAF a également réalisé des prestations d'audit et d'appui technique à la conduite de la sélection pour des entreprises étrangères. Outre les conséquences positives en termes financiers, ces implications nous confrontent au marché international de la prestation et résultent en l'acquisition de compétences sur de nouvelles espèces pouvant être mises à profit ultérieurement.

4-3 Service analyse de ploïdie chez les espèces aquacoles

Ce service permet aux adhérents du secteur aquacole, non équipé d'un cytomètre en flux, de valider le niveau de ploïdie de leurs lots de production, c.à.d. le plus souvent qu'ils sont triploïdes et donc stériles. En 2018, le service d'analyse de ploïdie au SYSAAF a été sollicité par 3 adhérents pour environ 5460 individus, représentant 179 heures de travail cumulé (Annexe 8). Les échantillons analysés restent majoritairement des alevins (70% des analyses), le reste des analyses concernant des œufs (30%). La totalité des tests est réalisée pour des salmonidés d'eau douce, avec une majorité de truites arc-en-ciel.

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

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

4-5 Service de formation professionnelle et enseignements dispensés

Le SYSAAF dispose d'un agrément pour assurer des formations (N° d'agrément auprès du Préfet de la Région Centre : 24 37 0258 537) et répond à des sollicitations d'adhérents ou externes en organisant des formations professionnelles spécifiques ou collectives (Annexe 6).

Les agents du SYSAAF sont également impliqués dans différents programmes d'enseignements universitaires ou d'écoles d'ingénieurs (Annexe 6). Par ailleurs, outre l'accueil de stagiaires de niveaux master, le SYSAAF avait 4 salariés en thèse CIFRE au cours de l'année 2018 (Annexe 7) et, alors que l'un d'entre-eux a soutenu sa thèse, un autre salarié va être recruté en thèse CIFRE en 2019.

Depuis 2012, D. Guémené est également tuteur dans le cadre des formations Better Training for Safer Food (BTSF) SANCO Training destinées aux autorités compétentes des pays européens et organisées à l'initiative de la Commission Européenne qui les finance. L'objectif est que les autorités compétentes des pays européens concernées par la mise en application des textes réglementaires au sein des états membres, comme les directives dans le domaine du bien-être, en aient une vision harmonisée. Les 2 formations pour lesquels D. Guémené est tuteur concernent les volailles : "Animal Welfare concerning laying hens production" et "Animal Welfare concerning broiler production". La nouvelle candidature du consortium coordonné par l'Institut TERRANO qui a sollicité Daniel Guémené a été validée par la DG-SANCO pour renouveler l'organisation de cette formation pour la 3^{ème} fois et une session intitulée "Animal Welfare in broiler production" a été organisée en 2018.

4-6 Communication

La communication des résultats des programmes expérimentaux pour lesquels nous avons bénéficiés de financements publics est une obligation contractuelle, mais au-delà de cette obligation, il est crucial pour le SYSAAF de communiquer auprès de ses adhérents et autres partenaires afin que les résultats acquis soient transférés et valorisés au mieux. Dans ce contexte, ils sont entre autres présentés lors de congrès et journées techniques destinés aux professionnelles, mais également dans des congrès scientifiques et/ou des articles scientifiques publiés dans des revues à comité de lecture. Une liste non-exhaustive de plus d'une 100^{aine} communications de toute nature, mais consistant pour une part non négligeable en des articles scientifiques et des communications faites lors de congrès scientifiques internationaux et nationaux est jointe en annexe de ce document (Annexe 4).

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

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

4-7 Service administratif et financier.

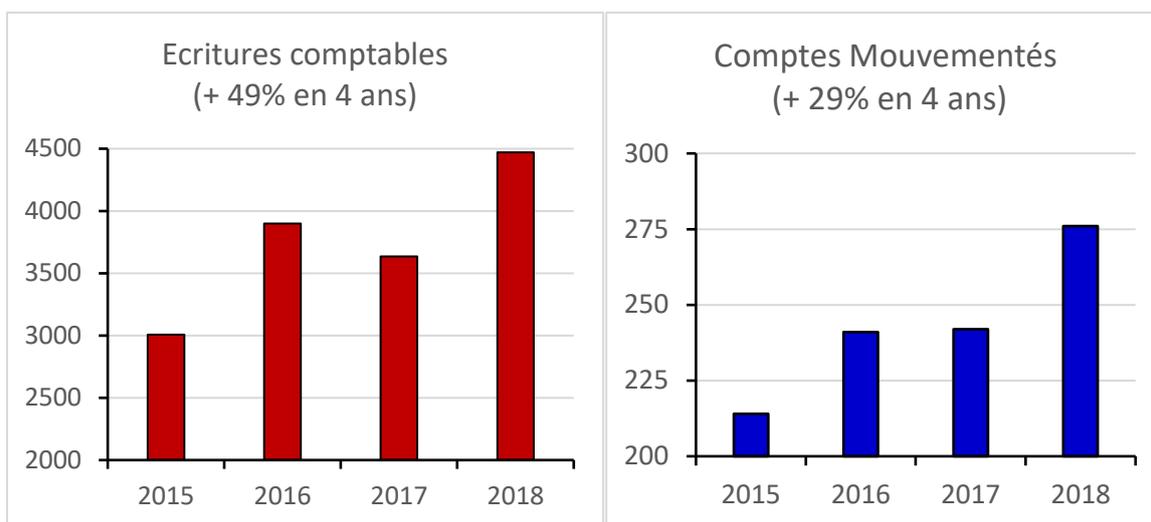
Le service est composé de deux postes temps-plein, un poste d'attachée de direction et un poste d'assistante de gestion administrative. C'est pratiquement la moitié du temps de travail qui est consacrée à la gestion administrative et 1/3 à la gestion des ressources humaines. Une augmentation de 30% de temps de travail supplémentaire entre l'année 2018 et 2017 explique la nécessité que nous avons d'embaucher Mme Marie-Christine Constantin à temps plein à compter du 1^{er} janvier 2018.

Ainsi à titre d'illustrations, le volume de travail dédié à la comptabilité a augmenté de 14% pour le nombre de comptes mouvementés et de 23% pour les lignes d'écriture comptable entre 2017 et 2018 et respectivement de 29 et 49% en 4 ans (Figure 32). L'augmentation du nombre de salariés et l'évolution des modalités de gestions des paies, avec la DSN et le prélèvement à la Source, ainsi que l'augmentation du nombre de programmes de recherche cofinancés par le FEAMP ou l'Europe sont en grande partie les causes de cette hausse.

En dépit d'une efficacité incontestable, le temps accordé à la gestion administrative et financière des programmes de R&D a triplé en 2 ans, soit ½ journée de travail hebdomadaire pour le personnel administratif, en sus de celui des salariés et du directeur. En effet, le service administratif et financier

gère simultanément près d'une quarantaine de programmes de recherche cofinancés, dont environ la moitié en tant que porteur, avec l'obligation de faire et transmettre des états intermédiaires et des rapports financiers et scientifiques finaux, certifiés par un Commissaire aux Comptes, se déroulant sur plusieurs millésimes chevauchants. **Au vu du nombre de programmes de recherche en cours, notamment ceux pour lesquels le SYSAAF est porteur, de la multitude de partenaires et de rapports à fournir, le respect des échéances par l'ensemble des acteurs est impératif, malheureusement loin d'être systématique, en dépit de nombreuses relances !**

Figure 32 : Evolution du nombre d'écritures comptables passées et de comptes mouvementés par le service administratif et financier du SYSAAF depuis 2015.



V - Partenariats du SYSAAF

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

5-1 Les partenariats institutionnels

Nos interactions avec différentes Directions du Ministère en charge de l'Agriculture (MAA) sont régulières, en particulier avec le Bureau de la Sélection Animale (DPGE - Direction Générale de la Performance Economique et Environnementale des Entreprises). Des interactions institutionnelles fortes avec ce bureau s'inscrivent entre autres dans le contexte de notre participation aux CNAG Générales, inter-espèces et scientifiques (Commission Nationale d'Amélioration Génétique). Les propositions de répartition du soutien financier de l'enveloppe "Soutien à la génétique animale" attribué annuellement aux structures impliquées dans la réalisation du programme CASDAR 775 "Programme pluriannuel du Progrès Génétique Animal CASDAR 2014-2020" (IDELE, IFIP, SYSAAF, Cryobanque Nationale pour les principaux) fait en particulier l'objet d'un avis de cette instance. Pour mémoire, ce soutien financier est prélevé sur des fonds CASDAR (Compte d'Affectation Spéciale de Développement Agricole et Rural) et sa mise en paiement assurée dans le cadre d'une convention annuelle spécifique signée avec FranceAgriMer. Ce financement est justifié par le fait que le SYSAAF est responsable de la mise en œuvre de la politique nationale de gestion des ressources génétiques, au travers de l'action élémentaire 3 " Gestion optimisée du Patrimoine Zoogénétique d'Espèces Avicoles et Aquacoles". Le SYSAAF exerce cette mission, définie en cohérence avec les objectifs du Programme national de développement agricole et rural (PNDAR), par délégation de responsabilités de la part de l'ITAVI, après avis favorable de la CNAG (Commission Nationale d'Amélioration Génétique), placée sous l'égide des services du Ministère en charge de l'Agriculture (DGPE - BLSA [Bureau Lait et Sélection Animale]), conformément aux dispositions de l'arrêté du 31 juillet 2007. La délégation en cours, validée lors de la CNAG du 13 Mai 2017, concerne la période 2018-2017. La liste des espèces (Tableau 2) auxquelles s'applique cette délégation d'activité a été portée de 47 à 49, lors de la CNAG du 13 Octobre 2018. Comme précédemment cette démarche a été faite afin que soit bien identifiées les démarches de domestication et de sélection en cours pour plusieurs nouvelles espèces aquacoles, notamment afin d'anticiper les implications éventuelles des modalités de mise en application de la Loi sur la Biodiversité, couplée à la mise en place de l'APA, tant à l'échelle nationale, qu'au niveau Européen.

Nos interactions avec la DPMA sont également fréquentes, en raison de nos activités concernant les espèces aquacoles, tant pour les activités de sélection que pour celles de recherche et développement. FranceAgriMer étant l'organisme payeur du programme CASDAR 775, mais également pour les appels d'offre innovation du CAS-DAR et du FEAMP, nos interactions avec ses services sont quasi hebdomadaires.

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

Nos interactions avec les acteurs de la recherche et plus globalement avec les organismes dont ils dépendent sont nombreuses et indispensables à la complétude de nos missions. Elles s'inscrivent en particulier dans le cadre de co-constructions de projets qui résultent en de nombreuses collaborations dans des programmes de recherche et développement (Figures 33 & 34).

L'INRA (Institut National de la Recherche Agronomique) est au premier rang de ces partenaires. Les synergies avec l'INRA sont nombreuses et facilitées en raison de l'existence d'un contrat cadre de collaboration, mais également de nombreuses autres conventions plus spécifiques s'y intégrant. A ce titre, les hébergements des agents du SYSAAF au sein de locaux d'unités de recherches INRA, en l'occurrence dans ceux de l'URA (Unité Mixte de Recherche Biologie des Oiseaux et Avicultures)

sur le Centre INRA Val de Loire et ceux de l'unité LPGP (Laboratoire de Physiologie et Génomique des Poissons) sur celui de Rennes, font l'objet de conventions spécifiques pour l'hébergement et l'appui logistique. En outre, l'INRA met aussi actuellement Daniel Guémené, Directeur de Recherches du Département PHASE, à la disposition du SYSAAF pour en assurer la direction, à titre gracieux en 2019, mais celle-ci sera facturée au SYSAAF à compter du 1^{er} Janvier 2019.

Par ailleurs, Clémence Fraslin et Jonathan d'Ambrosio, recrutés en CDD par le SYSAAF pour réaliser une thèse dans le cadre de contrat CIFRE, étaient accueillie au sein de l'unité GABI à Jouy-en-Josas en 2018. Deux autres demandes de financements ont été sollicitées auprès de l'ANRT dans le cadre du dispositif CIFRE en 2017 et, après acceptation de ces dossiers, Ronan Griot et Marion Charrier, les candidats retenus, ont été recrutés au cours du 1^{er} semestre 2018.

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

Comme avec l'INRA et l'Ifremer, une convention de partenariat a également été signée avec l'Anses. Dans ce contexte, une salariée a été recrutée par le SYSAAF et mise à disposition de l'ANSES pour coordonner les travaux de recherche et développement mis en œuvre sur la plateforme expérimentale Fortior-Genetics, localisée au sein de l'Unité Anses de Pathologie Virale des Poissons sur le site ANSES de Plouzané. Cette plateforme permet d'offrir un service de phénotypage aux structures de sélection des filières piscicoles et l'ingénierie coordonne et participe à la mise au point et à la réalisation de challenges de résistance à des pathogènes pour les espèces aquacoles.

Concernant les relations avec l'ITAVI, outre la convention de délégation de cet institut au profit du SYSAAF qui est prolongée jusqu'en 2022, le SYSAAF a également une convention générale de collaboration avec l'ITAVI. Le SYSAAF est également représenté au sein du Conseil Scientifique de l'ITAVI, par l'entremise de son directeur. De surcroît, le SYSAAF est membre du dispositif partenarial UMT BIRD 3 – "Aviculture Système et Territoire", basée à Nouzilly qui a été habilitée en 2017. Outre le SYSAAF, ce dispositif implique trois entités : l'Institut Technique de l'Aviculture (ITAVI), l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA) – avec 4 unités du Centre INRA Val de Loire (URA, UMR-PRC, UMR-ISP, UE-PEAT) et une unité du Centre INRA Nouvelle Aquitaine Poitiers (UE-EASM) ainsi que l'Institut Technique de l'Agriculture Biologique (ITAB). Les enjeux du nouveau programme (2017-2022) sont d'améliorer la durabilité des systèmes productifs avicoles, de renouer le dialogue avec la société et de renforcer les liens aux territoires, avec des bio-ressources locales.

Nos interactions avec d'autres partenaires du CNRS, du Muséum, de laboratoires universitaires, d'écoles d'ingénieurs, plus ponctuelles, donnent généralement lieu à des conventions particulières dans le cadre de programmes de recherche et/ou de prestations. Néanmoins, il n'est pas à exclure que nos interactions dans le cadre de plusieurs programmes de recherche avec la plateforme CNRS SIR (ScanMat) soient contractualisées dans le cadre d'une convention de partenariat en 2019, avec l'éventuel mise à disposition d'un salarié.

Le SYSAAF est également officiellement impliqué dans différentes instances d'orientation et de définition des priorités de la recherche comme le COS de la FRB, le CA et CS d'AGENAVI, le CS et le DO des GIS "Avenir-Elevage" et "Pisciculture Demain", le COT Santé et Bien-Etre Animal de l'Anses.

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

Nos interactions sont également importantes avec les nombreuses structures professionnelles et interprofessionnelles aquacoles et avicoles. Parmi celles-ci le Synalaf avec lequel notre partenariat entrait dans le cadre d'une convention tripartite Synalaf/Organismes certificateurs/SYSAAF jusqu' en 2018 et évolue en 2019 (Cf. Chapitre 4-1). Elle permet aux adhérents du SYSAAF une reconnaissance des lignées en conformité avec le Référentiel Avicole (RefAvi SYSAAF®) pour une utilisation dans le cadre des productions "Label Rouge", ainsi que pour l'IGP Sud-Ouest pour les palmipèdes gras.

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

Figure 33 : Evolution du nombre de programmes de recherche et développement annuels ou pluriannuels, en cours annuellement au SYSAAF pour les espèces aquacoles ou avicoles depuis 1998.

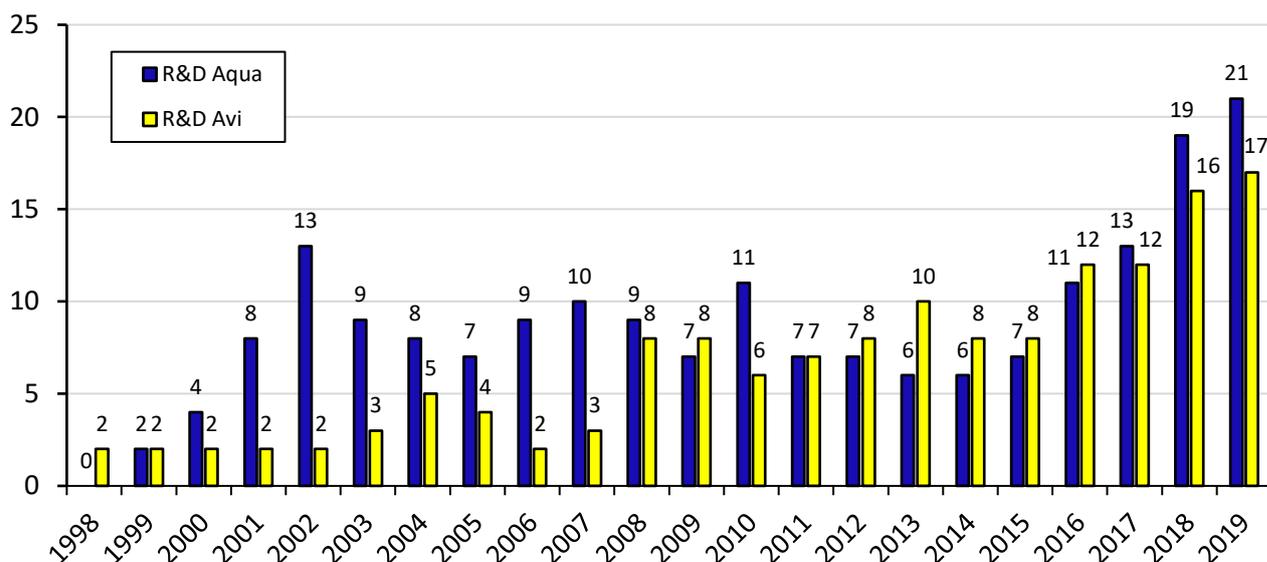
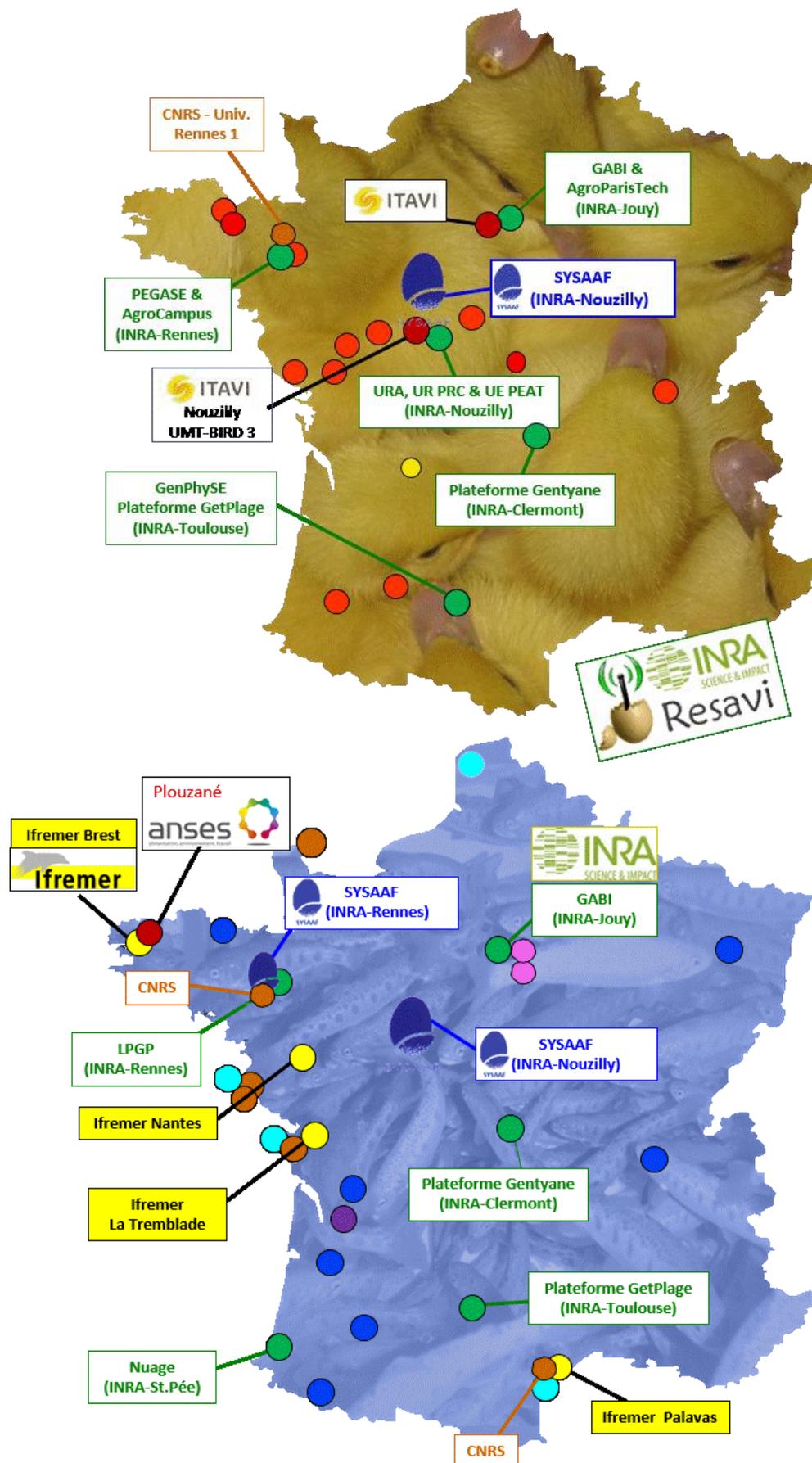


Figure 34 : Unités INRA, Ifremer, Anses et ITAVI avec lesquelles le SYSAAF a eu des partenariats scientifiques significatifs dans les secteurs avicole et aquacole en 2018.



5-3 Les partenariats avec les partenaires du secteur privé

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

VI - En résumé, quelques faits marquants de l'année 2018

Gérer le quotidien et anticiper l'avenir pour que le SYSAAF permette à ses adhérents de relever les défis futurs, tout en répondant au mieux aux besoins spécifiques à court et moyen termes de chacun, tel est notre challenge sans cesse renouvelé. Quels qu'en soient les causes, il est évident certains des quelques faits marquants cités ci-après pour illustrer l'année 2018 influenceront durablement le fonctionnement du SYSAAF.

➤ Une gouvernance renouvelée au SYSAAF :

Après le renouvellement partiel du Conseil d'Administration lors de l'Assemblée Générale 2018, les administrateurs ont porté Bernard Alletru à la présidence du SYSAAF. Par ailleurs, sans que la parité ne soit d'actualité, le Conseil d'Administration inclut aujourd'hui deux administratrices, qui plus est membre du bureau, avec Magali Blanchet au poste de Vice-présidente et Florence Petitjean à celui de Secrétaire et Trésorière Adjointe. Il revient à ce nouveau Conseil d'Administration d'accompagner pour mener à bien l'évolution en cours au sein du SYSSAF

A l'issue de cet Assemblée Générale, M. Emmanuel Mazeiraud, Président du SYSAAF, confirmait son intention de ne pas briguer une prolongation de son mandat, puisque tel était déjà son intention en 2017. Avec l'ensemble des administrateurs, il aura au cours de son mandat indéniablement marqué durablement le SYSAAF, si l'on en juge par une évolution, voire une rupture, dont vous avez pu percevoir certaines des implications à la lecture de ce rapport d'activité.

➤ Un renouvellement des compétences et des besoins croissants au SYSAAF :

La qualité de l'appui technique apportée par le SYSAAF et sa capacité à répondre dans les meilleurs délais à des besoins croissants de ses adhérents et de partenaires repose sur les compétences et l'engagement de ses salariés. Dans un contexte d'expansion, le seuil des 20 salariés a, pour la 1^{ère} fois en 2018, été ponctuellement franchies et ce ne sont pas moins de 25 personnes qui ont fait l'objet d'un contrat de travail au cours de l'année. Cette augmentation des effectifs nous a conduit entre autres, à restructurer l'organigramme en nommant des adjoints aux responsables locaux et en dynamisant les transversalités (Cf. Figures 4a-b).

Par ailleurs, comme les années précédentes, 2018 a été riche en mouvement du personnel avec 5 départs : un pour une salariée ayant fait valoir ses droits à la retraite [Maryse Boulay], une autre en fin de contrat après soutenance d'une thèse et 3 départs volontaires pour convenance personnelle. Des départs de salariées qui résultent en une perte de compétences reconnues de tous, mais qui ont été compensés par 7 recrutements, dont 5 en CDI et 2 en CDD pour réaliser des thèses dans le cadre d'un contrat CIFRE.

Nous remercions sincèrement les salariés qui ont quitté le SYSAAF, pour leur implication respective. Une mention particulière à Maryse Boulay qui recrutée au sein du SNAA, a ensuite travaillé pour le SYSAF et enfin le SYSAAF. Nul doute toutefois que les recrutements devraient parallèlement nous apporter de nouvelles compétences et, après avoir été formés et bien intégrés, être le gage du dynamisme et de l'excellence du SYSAAF de demain. Les salariés du SYSAAF seront encore plus qu'avant confrontés à l'augmentation d'activité dans le cadre de programmes de recherche et développement ou d'appui technique et répondront présent, notamment auprès des nombreux adhérents souhaitant tirer profit de la mise au point d'outils génomique pour mettre en place des programmes de sélection génomique et de nouvelles méthodes de phénotypage, sans pour autant délaisser les autres.

➤ **Une importante augmentation des activités du service administratif et financier du SYSAAF :**

Les indicateurs de suivi d'activité du service montrent des taux d'augmentations compris entre 30 et 50% en 4 ans et d'environ 20% par rapport à 2017. Cette augmentation résulte d'une augmentation globale d'activité au sein du SYSAAF avec pour corollaire une augmentation conséquente du nombre de salariés, générant elle-même une augmentation des charges administratives, mais également d'une augmentation du nombre de programmes de recherche, associée à une complexification des modalités de gestion administratives et financières. Parallèlement, ce service a dans le même temps du assumer la mise en place de la Déclaration Sociale Nominative (DSN), le prélèvement de l'impôt à la source, l'établissement de la liasse fiscale annuel et du dossier CIR pour la 1^{ère} fois en 2018, suite à la fiscalisation du SYSAAF à partir de 2017.

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

L'appui technique sollicité et apporté aux adhérents continue de se diversifier tant qualitativement que quantitativement et en se complexifiant et devient plus chronophage. Ainsi, le nombre de caractères mesurés s'accroît et leur nature se diversifie, avec l'utilisation de nouveaux outils et méthodes de phénotypage ou encore le recours aux techniques et outils moléculaires. Parallèlement, de nouveaux outils sont développés dans le cadre de programmes de recherche et des indexations génomiques réalisées chez plusieurs espèces dans le cadre de programmes expérimentaux et/ou de programmes de sélection commerciaux. Le SYSAAF est ainsi à l'origine de 1^{ère} mondiale avec le développement de puces de génotypage haute et moyenne densité pour les 2 espèces de canards, le bar et la daurade. A souligner également la réalisation des 1^{ères} indexations génomiques dans le secteur aquacole. En conclusion, passant du rêve à la réalité, la rupture technologique associée à la mise en place de programmes de sélection génomique est en cours au sein de plusieurs entreprises adhérentes ; entreprises qui sont pour la plupart totalement dépendantes de l'appui technique que leur apporte le SYSAAF.

Concernant la recherche, globalement ce sont 34 programmes de recherche qui étaient en cours de réalisation en 2018 et 37 début 2019 qui impliquent les salariés du SYSAAF, dont 4 thésards et pour la 1^{ère} fois depuis 2009, la soutenance non pas d'une mais de 2 thèses au 4^{ème} trimestre de 2018 (Pierrick Haffray & Clémence Fraslin).

A noter également, le développement de nouvelles méthodes de phénotypage mettant en œuvre des méthodes spectrales (Raman, SPIR, etc...) en collaboration avec la plateforme CNRS SIR-ScanMat, un investissement sur des programmes de recherche sur le gibier avec de nouveaux partenaires comme l'InterproChasse, le Syndicat des éleveurs de gibier, et l'ONCFS, ou des sollicitations pour des demandes d'adhésion pour une nouvelle espèce de crevette et un insecte.

➤ **Une reconnaissance de la qualité du travail du SYSAAF par les Ministères attestée par :**

La poursuite de la réévaluation du soutien financier accordé au SYSAAF dans le cadre de l'enveloppe Génétique du programme CASDAR-775, pour la réalisation de l'action élémentaire 3 "Gestion du patrimoine zoogénétique et de la biodiversité d'espèces avicoles et aquacoles" qui s'inscrit dans le Programme Génétique Animale, du Programme National de Développement Agricole et Rural (PNDAR - "Programme pluriannuel du Progrès Génétique Animal CASDAR-775 [2014-2020]"). L'augmentation de cette dotation atteste à nos yeux d'une reconnaissance de l'importance du rôle du SYSAAF et la qualité de son action par les services du Ministère. Pour mémoire, cette évolution résulte d'une prise en compte des recommandations préconisées par le cabinet Proteis+ suite à un audit réalisé à la demande du Ministère en charge de l'Agriculture. Qu'en sera-t-il demain puisque les modalités de répartition de cette enveloppe Génétique du programme

CASDAR-775 doivent faire l'objet d'une réflexion de la part des services du Ministère en charge de l'Agriculture, avec les filières, en 2019. Néanmoins, force est de constater que le montant du financement accordé au SYSAAF, qui correspond à 5,25% de l'enveloppe globale, reste encore sans rapport avec le chiffre d'affaire généré par les filières avicoles et aquacoles (> à 20%), à la contribution de ces secteurs d'activités à l'excédent de la balance commerciale de la génétique animale (> à 80%), au nombre d'emplois directs et indirects générés, ou encore aux volumes de production et à la consommation de ces productions en France.

Parallèlement, les services du Ministère en charge de la Recherche accordait le renouvellement de l'agrément CIR du SYSAAF, pour la période 2018-2022 ; reconnaissant par là sa capacité à conduire des programmes de recherche.

➤ **Et nous ne saurions oublier parmi les faits marquants de l'année 2018, la décision de l'INRA de mettre fin à la mise à disposition à titre gracieux du directeur du SYSAAF au 31 Décembre 2018 ...**

mais, plus que jamais au SYSAAF

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



Annexe 1 : Coordonnées des adhérents aquacoles du SYSAAF au 1^{er} janvier 2019

1 - Coordonnées des adhérents piscicoles du SYSAAF

Nom de l'adhérent	Statut	Espèces sélectionnées	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
<p>PISCICULTURE MURGAT (S.A.S.) Sources des Fontaines, 36 Chemin du Lavoir 38270 Beaufort Tél : 04 74 79 18 98 Fax : 04 74 79 79 94. www.charlesmurgat.com lesfontaines@charlesmurgat.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Truite arc en ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>), Truite fario (<i>Salmo trutta</i>) & Omble chevalier ou alpin (<i>Salvelinus alpinus</i>)</p>	<p><i>Pdt :</i> M. Vincent Murgat <i>Dir :</i> M. Roman Murgat</p>	<p><i>Responsable production :</i> M. Philippe Hocdé</p>
<p>ÉCLOSERIE MARINE DE GRAVELINES–Ictus (S.A.S.) Groupe GLORIA MARIS (S.A.S.) Voie des Enrochements 59820 Gravelines Tél: 03 28 51 82 20 Fax : 03 28 65 53 40 www.ecloserie-emg.fr gloriamarisgroupe.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Bar (<i>Dicentrarchus labrax</i>)</p>	<p><i>Pdt :</i> M. Philippe RIERA <i>D G Aquanord:</i> M. Olivier Brama <i>DG adj :</i> M. Bruno Peyrou</p>	<p><i>Directrice de production:</i> Mme Aline Bajek aline.bajek@ecloserie-emg.com</p>
<p>L'ESTURGEONNIÈRE (S.A.S.) Balanos - Route de Mios - 33470 Le Teich Tél : 05 56 22 69 67 Fax : 05 56 22 69 info@caviarfrance.com www.caviar-perlita.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Esturgeon Sibérien (<i>Acipenser baerii</i>)</p>	<p><i>Pdt :</i> M. Michel Berthommier</p>	<p><i>Responsable sélection :</i> M. Emmanuel Bonpunt emmanuelb@caviar-perlita.com</p>
<p>FERME MARINE DU DOUHET (S.A.S.) Groupe AQUALANDE (S.A.S.) Rue du Douhet – BP 4 17840 La –Brée-les-Bains Tél : 05 46 76 58 42 Fax : 05 46 76 59 81 fmd@douhet.com www.groupeaqualande.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Daurade Royale (<i>Sparus aurata</i>) & Bar (<i>Dicentrarchus labrax</i>)</p>	<p><i>Directeur :</i> M. Jean-Sébastien Bruant</p>	<p><i>Responsable sélection :</i> Mme Sophie Cariou cariou@douhet.com</p>
<p>France TURBOT – Ictus (S.A.S.) Groupe GLORIA MARIS (S.A.S.) Le bon port - 85740 L'Épine Tél : 02 28 12 95 00 Fax : 02 28 12 95 10 www.france-turbot.com www.alliancedugout.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Turbot (<i>Scophthalmus maximus</i>)</p>	<p><i>Directeur :</i> M. Franck Brossard</p>	<p><i>Responsable de secteurs :</i> Mme Marie Villa marie.villa@franceturbot.fr</p>

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
<p>MILIN NEVEZ (S.A.S.) Groupe LES AQUACULTEURS BRETONS (S.C.A.) et BRETAGNE TRUITE (S.A.R.L.) 180 route de Plougouven ZI de Kerbriant 29610 Plouigneau Tél : 02 98 67 75 15/ 02 96 11 95 90 Fax : 02 98 79 87 58 www.bretagne-truite.fr</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Truite arc-en-ciel <i>(Oncorhynchus mykiss)</i></p>	<p>PDG : M. Patrice Morvan</p>	<p><i>Responsable sélection:</i> M. Alexandre Desgranges dominique.charles@bretagne-truite.fr</p> <p><i>Directeur Technique :</i> M. Jean Ruche jean.ruche@bretagne-truite.fr</p>
<p>LUCAS PERCHES (S.A.S.) Le moulin de Cany 57170 Hampont Tél : 03 87 86 61 www.lucasperches.fr www.lucasperchesarl@orange.fr</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Perche <i>(Perca fluviatilis)</i></p>	<p>Directeur : M. Guillaume Boucaud</p>	<p><i>Responsable sélection:</i> Mme Federica Ferrando</p>
<p>LES POISSONS DU SOLEIL (S.C.E.A.) Groupe AQUALANDE (S.A.S.) 1 rue des Timarans 34540 BALARUC-LES-BAINS Tél : 04 67 48 56 77 Fax : 04 67 48 94 12 www.poissons-soleil.com contact@poissons-soleil.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Maigre <i>(Argyrosomus regius)</i></p>	<p>PDG : M. Vincent Jacquot Gérant : M. Philippe Balma</p>	<p><i>Responsable sélection:</i> M. Frédéric Ventre f.ventre@poissons-soleil.com</p>
<p>LES SOURCES DE L'AVANCE – Les Aquaculteurs Landais Groupe AQUALANDE (S.A.S.) Pisciculture de Pissos Route du Gué de Bern 40410 PISSOS Tél: 05 58 05 61 00 Fax : 05 58 45 50 07 www.groupeaqualande.com aqualande@aqualande.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Truite arc-en-ciel <i>(Oncorhynchus mykiss)</i></p>	<p>PDG : M. Vincent Jacquot</p>	<p><i>Gérant:</i> M. Emmanuel Mazeiraud pisciculture.pissos@wanadoo.fr emazeiraud@aqualande.com</p>
<p>STURGEON (S.A.S.) Groupe KAVIAR (S.A.S.U) Pisciculture du Carillon 17240 Saint-Fort-sur-Gironde Tél: 05 57 34 45 40 www.sturia.com info@kaviar.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Esturgeon Sibérien <i>(Acipenser baerii)</i></p> <p>Esturgeon osciètre <i>(Acipenser guldenstatii)</i></p>	<p>Pdt : M. Alexandre LEROY DG : M. Laurent Duleau</p>	<p><i>Responsable R & D :</i> M. Bastien Debeuf b.debeuf@kaviar.com</p>

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

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

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
MIGADO Migrateur Garonne Dordogne Charentes Seudre (Ass) 18 ter rue Garonne 47520 Le-passage-d'Agen Tél: 05 53 87 72 42 Fax : 05 53 87 00 99 www.migado.fr contact@migado.fr	Écluseur 	Saumon sauvage (<i>Salmo salar</i>)	Pdt : M. Alain Guillaumie Directeur : M. Stéphane Lucas	Chargé de missions (programme de restauration du saumon sur la Garonne) : M. Stéphane Bosc stephane.bosc@migado.fr

3 - Coordonnées des adhérents conchylicoles du SYSAAF

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
FRANCE HALIOTIS (S.A.S.) 70 Aod Kerazan Vihan - 29880 Plouguerneau Té : 02 98 37 17 39 www.francehaliotis.com www.abalonebretagne.com contact@francehaliotis.com	Sélectionneur 	Ormeau Européen (<i>Haliotis tuberculata</i>)		Gérant: M. Sylvain Huchette sylvain.huchette@francehaliotis.com Ingénieur R & D: M. Sébastien Lachambre les.lachambre@hotmail.fr
MARINOVE (S.A.S.) Groupe BEAULIEU (S.A.R.L.) Le Terrain neuf – BP 305 85330 L'Épine Tél: 02 28 12 95 11 Fax : 02 28 12 95 20 www.marinove.fr	Sélectionneur 	Huître creuse (<i>Crassostrea gigas</i>)	Gérant : M. Charles Beaulieu DG : M. Laurent Terrien laurent.terrien@marinove.fr	Directeur de production: M. Fabrice Massi fabrice.massi@marinove.fr
SATMAR – Société Atlantique de Mariculture (S.A.) La Saline 47 route du Val de Saire 50760 Gatteville-Phare Tél : 02 33 23 41 60 Fax : 02 33 23 12 55 www.satmat.fr	Sélectionneur 	Huître creuse (<i>Crassostrea gigas</i>) Palourde japonaise (<i>Ruditapes philippinarum</i>)	Pdt : M. Olav Goelet DG : M. Bertrand Du Mesnildot bertrand.satmar@orange.fr	Responsable sélection: Mme Émilie Vétois emilie.satmar@orange.fr

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
VENDÉE NAISSAIN (S.C.E.A.) Groupe France NAISSAIN (S. A. S) Polder des Champs 85230 Bouin Tél : 02 51 49 74 07 Fax : 02 51 49 74 08 www.francenaisain.com info@francenaisain.com	Sélectionneur 	Huître creuse (<i>Crassostrea gigas</i>)	Gérant : M. Stéphane Angeri	Responsable production : M. Frédéric Chenier frederic@francenaisain.com

4 - Coordonnées des adhérents crevettecoles du SYSAAF

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
ADECAL-Technopole - Association de Développement de la Calédonie (Asso) 1bis rue Berthelot Doniambo Immeuble Centre Sud 3 ^e étage, BP 2384 98486 Nouméa Nouvelle Calédonie Tél : +687 24 90 77 Fax : +687 24 90 87 www.technopole.nc adecal@adecal.nc technolope@adecal.nc	Sélectionneur 	Crevette bleue (<i>Litopenaeus stylirostris</i>),	DG : M. Adrien Rivaton	<u>Coordinatrice des expérimentations</u> - : Mme Maëlle Thillier maelle.thillier@adecal.nc <u>Directeur de la station expérimentale CTA</u> : M. Cédric Grouhel cedric.grouhel@adecal.nc
MASCAREIGNES SERVICES (S. A. S.) Groupe OCÉINDE 15 Rue Soufflot 75005 Paris Tél : 01 56 81 14 14 Fax : 01 56 81 14 15 crevette.bio.com /aquapesca	Sélectionneur 	Crevette tigre (<i>Penaeus monodon</i>)	DG : Mme Azmina Goulamaly direction@oceinde.com Directeur : M. François Grosse fg.aquapesca@gmail.com	
R&O SEAFOOD GASTRONOMY (S. A. S.) 1 avenue des Savoies 94150 Rungis Tél : 01 45 12 70 04 Fax : 01 45 12 59 23 www.rno.fr mathias/ismail@rno.fr	Sélectionneur 	Crevette tigre (<i>Penaeus monodon</i>)	DG : M. Mathias Ismail	Responsable des programmes R&D, domestication, sélection génétique : Mme Mélanie Sahuquet melanie.sahuquet@rno.fr

5 - Coordonnées de membres associés du SYSAAF

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

Annexe 2 : Coordonnées des adhérents avicoles du SYSAAF au 1^{er} janvier 2019

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
<p>AS.POUL.BA – (ASSOCIATION POUR LA SAUVEGARDE DE LA POULE DE BARBEZIEUX) Mm Nicole Billon (Trésorière et secrétaire) Le Maine à Bilhou - 16300 Saint-Aulais-la-Chapelle Tél : 05 45 78 38 80 Port : 06 85 55 19 55 aspoulba@orange.fr www.terredesaveurs.com</p>	<p>Sélectionneur Lignée à diffusion limitée traitée à façon</p> 	<p>Poulet de Barbezieux <i>Gallus</i></p>	<p><i>Pdt :</i> M. Gilbert Marchand</p>	<p><i>Responsable technique génétique CSB:</i> M. Grégory Vasse gregory.vasse@bechanne.fr</p>
<p>CAILLES ROBIN (S.A.S) Groupe L. D. C. 16 boulevard des Capucines BP 30 85190 Maché Tél : 02 51 60 09 80 Fax : 02 51 54 20 25 wwwcailles-robin.fr elevage@cailles-robin.fr</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Caille japonaise (<i>Coturnix japonica</i>)</p>	<p><i>PDG :</i> M. Guy Prod'Homme</p>	<p><i>Responsable sélection:</i> M. Matthieu Bourmaud matthieu.bourmaud@cailles-robin.fr</p>
<p>CAILLOR (S.A.S.) Groupe URGASA Chemin de Bostens BP 42 40120 Sarbazan Tél : 05 58 45 78 78 Fax 05 58 45 78 69 www.caillor.eu</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Caille japonaise (<i>Coturnix japonica</i>)</p>	<p><i>Directeur :</i></p>	<p><i>Technicien:</i> Mme Jennifer Marty jennifer.marty@caillor.fr</p>
<p>CENTRE DE SÉLECTION DE BÉCHANNE (S.A.R.L.) 1950 chemin de Béchanne 01370 Saint-Étienne-du-Bois Tél: 04 74 30 50 48 Fax : 04 74 30 56 78 bechanne@bechanne.fr www.centrebechanne.fr</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Poulet de Bresse & Races locales (<i>Gallus</i>)</p>	<p><i>Gérant :</i> M. Gilbert Limandas</p>	<p><i>Directrice :</i> Mme Florence Petitjean florence.petitjean@bechanne.fr <i>Responsable technique:</i> M. Grégory Vasse gregory.vasse@bechanne.fr</p>
<p>GALOR (S.A.S.) Groupe GRIMAUD Z I de la Boitardière 106 chemin du Roi BP 142 37401 Amboise cedex Tél : 02 47 23 34 34 Fax 02 47 57 05 03 55 www.galor-genetics.com</p>	<p>Sélectionneur</p> 	<p>Pintade (<i>Numida meleagris</i>)</p>	<p><i>DG:</i> M. Enrique Pellejero enrique.pellejero@galor-genetics.com</p>	<p><i>Responsable sélection:</i> M. Pascal Jamenot pascal.jamenot@galor-genetics.com</p>



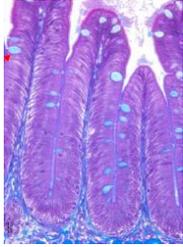
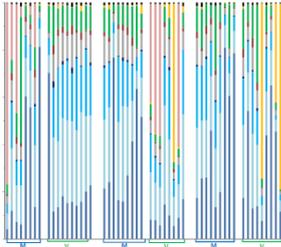
Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – Directeur Général	Correspondant SYSAAF
GEN'ETHIC (S.C.E.A.) Groupe GIBOVENDÉE Zone artisanale La Barboire Rue des Laborantes 85500 Chambretaud Tél : 02 51 91 52 54 www.gibovendee.com	Sélectionneur 	Faisan <i>(Phasianus colchicus)</i> Perdrix rouge <i>(Alectoris rufa)</i>	PDG : M. Denis Bourasseau	Gérant: M. Serge Tricoire serge.tricoire@gibovendee.com
GOURMAUD SÉLECTION (S.A.S.) Groupe ORVIA La Seigneurtière – Saint-André-Treize-Voies 85260 Montréverd Tél : 02 40 02 02 00 Fax : 02 40 02 02 07 contact@orvia.fr www.orvia.fr	Sélectionneur 	Canards communs, Barbarie, mulards et Oies (<i>Anas platyrhynchos</i> , <i>Cairina moschata</i> , <i>Anser anser domesticus</i>)	Pdt : M. Benoit Gourmaud	Directeur Général opérationnel : M. Bernard Alletru bernard.alletru@orvia.fr
GRIMAUD FRÈRES SÉLECTION (S.A.S.) Groupe GRIMAUD La Corbière 49450 ROUSSAY Tél : 02 41 70 36 90 Fax : 02 41 70 31 67 grimaudfreres@grimaudfreres.com www.grimaudfreres.com	Sélectionneur 	Canards communs, Barbarie, mulards et Oies (<i>Anas platyrhynchos</i> , <i>Cairina moschata</i> , <i>Anser anser domesticus</i>)	Pdt : M. Frédéric Grimaud DG: M. Jean-Marc Pinsault Directeur : M. Yann Le Pottier	Directrice R & D: Mme Magali Blanchet magali.blanchet@grimaudfreres.com Sélection Canard Pékin : M. Guillaume Le Mignon guillaume.lemignon@grimaudfreres.com Sélection Canard de Barbarie : Mme Aline Alinier aline.alinier@grimaudfreres.com Sélection Oies : Mme Typhanie Ruer typhanie.ruer@grimaudfreres.com
HENDRIX GENETICS TURKEYS FRANCE (S.A.S.) Groupe HENDRIX GENETICS La Bohardière – BP 1 Saint-Laurent-de-la-Plaine 49290 Mauges-sur-Loire 02 41 74 21 21 www.hybridturkeys.com	Sélectionneur 	Dinde Fermière (<i>Meleagris gallopavo</i>) Pintade (<i>Numida meleagris</i>)	DG : M. Laurent Souti	Sélection dinde et pintade : Mme Aline Henry

Nom de l'adhérent	Statut	Espèce sélectionnée	Président – directeur général	Correspondant SYSAAF
HUBBARD (S.A.S.) Groupe Aviagen Mauguérand – BP 169 – 22800 Le Foeil Tél : 02 96 79 63 70 Fax 02 96 74 04 71 contact.emea@hubbardbreeders.com www.hubbardbreeders.com	Sélectionneur 	Poulet de chair <i>Gallus</i> (Croissance lente & conventionnel)	DG : M.Olivier Rochard	<i>Directeur R & D :</i> M. Frédéric Fagnoul La Berjaterie 89330 Saint-Loup-d'Ordon frederic.fagnoul@hubbardbreeders.com
ISA (INSTITUT DE SÉLECTION ANIMALE) (S.A.S) Groupe HENDRIX GENETICS Zoopôle 1 rue Jean Rostand – BP 23 22440 Ploufragan Tél : 02 96 77 76 00 Fax 02 96 77 76 01 www.isa-poultry.com www.hendrix-genetics.com	Sélectionneur 	Poule pondeuse <i>Gallus</i> (œufs blancs et colorés)	DG : M. Fabien Galéa	<i>Responsable sélection:</i> Mme Mailys Faure mailys.faure@hendrix-genetics.com
NOVOGEN (S.A.S.) Groupe GRIMAUD Parc d'activité des Châtelets Secteur du Vau Ballier 5 rue des Compagnons – 22960 Plédran Tél : 02 96 58 12 60 Fax 02 96 58 12 61 contact@novogen-layers.com www.novogen-layers.com	Sélectionneur 	Poule pondeuse <i>Gallus</i> (Œufs blancs et colorés)	DG : M.Mickaël Le Helloco	<i>Directeur R & D :</i> M. Thierry Burlot thierry.burlot@novogen-layers.com
SASSO (SÉLECTION AVICOLE DE LA SARTHE ET DU SUD-OUEST) (S.A.S.) Groupe Hendrix-genetics Route de Solférino 40630 Sabres Tél : 05 58 04 46 46 Fax : 05 58 04 46 47 sasso@hendrix-genetics.com www.sasso.fr	Sélectionneur 	Poulet de chair (Croissance lente) <i>Gallus</i>		<i>Directeur Général:</i> M. Laurent Salles Laurent.Salles@hendrix-genetics.com <i>Responsable sélection:</i> M. Thierry Arbeu Thierry.Arbeau@hendrix-genetics.com
URLAF (UNION DES RACES LOCALES AVICOLES FRANÇAISES)(Asso) Pôle BioDom'Centre URGC Place du Général de Gaulle 36400 La Châtre Tél : 09 64 09 06 66 www.urgcentre.fr	Collectif d'associations de races à diffusion limitée. 	Races locales de volailles : <i>Gallus</i>	Pdt : M. Paul Renault	Mme Fanny Moyse fanny.moyse@urgcentre.fr

Annexe 3 : Liste des programmes expérimentaux de Recherche et Développement impliquant le SYSAAF en 2018.

Secteur Aquacole	Page	Secteur Avicole	Page
Programmes terminés en 2018 (Nom du programme & Financier)			
Agreenfish (ANR)	101	AvisDeDisparition (CRB Anim)	104
GenOyster (FEAMP)	102	MetaChick (France Génomique)	105
57K-Truite(FEAMP)	103		
Programmes en cours en 2018 (Nom du programme & Financier)			
Assist (DRM)	107	CanArray (Rég. Pays de Loire, Rég. N.Aq.) CanArrayV ² (AGENAVI)	125
BioGerm (FEAMP)	108	Chick'Tip (CASDAR)	-
CRB-Anim- Esp Aqua. (IA)	109	CRB-Anim- Esp. Avi.(IA)	126
Dada-Eat (FEAMP)	110	Eva-HD (CASDAR)	127
FishBoost (H2020)	111	FaisSigne(AGENAVI)	128
GeneSea (FEAMP)	112	GibAdapt (InterProchasse)	129
GenOrmeau (FEAMP)	113	Hybridation Caille (Agenavi)	130
NeoBio(FEAMP)	114	QuailHeatE (ANR)	131
Omega-truite (FEAMP)	115	RefGenDivA (CRB-Anim)	132
PerFormFish (H2020)	116	SNPOie (CIFOG)	133
PhenoMir (FEAMP)	117	pHu-Gallus (INRA)	-
RésiPal (FEAMP)	118		
Sex'NPerch (FEAMP)	119		
3S (FEAMP)	120		
SG-Truite (FEAMP)	121		
SiberSex (FEAMP)	122		
Turboost (FEAMP)	123		
Vivaldi (H2020)	124		
Nouveaux programmes en 2018-2019 (Nom du programme & Financier)			
Aqua faang (H2020)	135	Caill'ou ? (ONCFS)	-
Aqualmpact (H2020)	136	Fertimâle (CRB Anim- INRA)	140
Infaqua (FEAMP)	-	PPillow (H2020)	141
QualityHuitre (FEAMP)	137	VOLAILLES (Région Centre-Val-De-Loire)	-
Selfie (FEAMP)	138	PlateformeSeqOccin (Région Occitanie)	-
S'Sturgeon (FEAMP)	139		
Programmes déposés en 2019 (Demande de financement en cours d'instruction) (Nom du programme & Financier)			
HypoTemp (FEAMP)	-	ToTem (ANR)	-
Phénomix (FEAMP)	-	PalmiP (Région Normandie)	-
Puberty (FEAMP)	-		
Red Out (FEAMP)	-		

Programmes de recherche et développement terminés en 2018

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



GenOyster

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

2015 – 2018 (18 mois)

Huître creuse (*Crassostrea gigas*)

Partenaires : Labogena DNA, Ifremer, SYSAAF.



Rôle du SYSAAF :

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

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

Financeurs : FEAMP (Fonds Européen pour les affaires maritimes et la pêche)



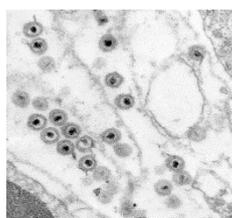
FranceAgriMer



Objectifs scientifiques :

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

Illustrations :



57K Truite

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

2015 - 2017 (18 mois)

Truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss*

Partenaires :



Rôle du SYSAAF :

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

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

Financeurs : FEAMP (Fonds Européen pour les affaires maritimes et la pêche) FranceAgrimer

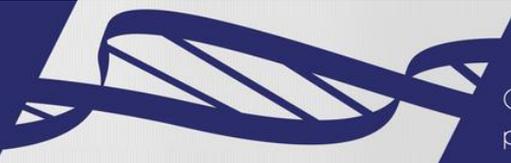


Objectifs scientifiques :

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

Illustrations :



	<h2 style="text-align: center;">AvisDeDisparition</h2> <p style="text-align: center;">Origine des diminutions de taille de génome entre souches de poulets et le parent dont elles dérivent, la poule de jungle 2016 - 2018 (2 ans) Poule</p>
<p>Partenaires : INRA PRC (Porteur) SYSAAF (Partenaire)</p>	<div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div>
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Interaction avec l'adhérent impliqué dans le projet - Choix des poules à analyser en cytométrie pour observation des tailles de génome dans les lignées du sélectionneur - Préparation des échantillons pour la cytométrie - Choix des individus à séquencer dans les lignées du sélectionneur - Analyse des réarrangements structuraux chez les individus séquencés parmi les lignées du sélectionneur <p>Participants SYSAAF : S.Brard, D. Guémené</p>	
<p>Financiers : CRB-Anim</p> <div style="display: flex; justify-content: center; align-items: center; gap: 20px;">   <div style="text-align: center;">  <small>Liberté • Égalité • Fraternité</small> <small>RÉPUBLIQUE FRANÇAISE</small> <hr/> <small>MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE</small> </div> </div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Identification de régions perdues du génome et des réarrangements structuraux dans différentes lignées par comparaison avec la Poule Rouge de Jungle</i> <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Connaissances sur les tailles de génome et sur les réarrangements structuraux dans différentes lignées • Perspectives d'application : lien entre phénotypes et taille du génome 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; align-items: center; justify-content: space-between;">   <div style="text-align: right;">  <p>Centres de Ressources Biologiques pour les Animaux Domestiques</p> </div> </div>	

	<p style="text-align: center;">MetaChick Building a catalog of the chicken intestinal metagenome 2016 - 2018 (3 ans) <i>Gallus</i></p>
<p>Partenaires : INRA GABI (Porteur) INRA PEGASE (Partenaire) INRA URA (Partenaire) INRA GenPhySE (Partenaire) INRA ISP (Partenaire) SYSAAF (Invité ITAVI) Metagenopolis (Partenaire)</p>	  
<p>Rôle du SYSAAF : - Participation au comité de pilotage, Participants SYSAAF : S. Brard, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs : France génomique</p> 	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none">• Création d'un catalogue du métagénome du microbiote intestinal du poulet <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none">• Caractérisation du métagénome observé chez leurs lignées étudiées dans le projet	
<p>Illustrations :</p> 	

Nouveaux programmes de recherche et développement soumis et acceptés pour un financement en 2018

Assist : expertise perlière

Appui à la mise en place des modalités techniques de la stratégie d'amélioration génétique appliquée de *Pinctada margaritifera* en polynésie française : production commerciale, approvisionnement, sécurisation génétique et sanitaire

2018 – 2019(12 mois)

Huître perlière *Pinctada margaritifera*

Partenaires :



Rôle du SYSAAF :

- Réaliser des groupes de travail (organisation de la filière, Schéma possible de sélection, Caractérisation et conservation de la variabilité génétique, Risques génétiques et sanitaires associés à la domestication, Priorités de R&D appliquées)
- 2 missions sur sites avec restitution de l'expertise en novembre

Participants SYSAAF : C.Blay, P. Haffray.

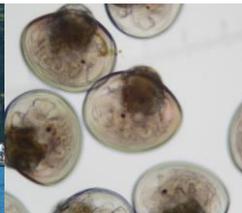
Financeurs :



Objectifs scientifiques :

- Réaliser une expertise pour préciser les modalités possibles d'une amélioration génétique durable de la filière de production d'huître perlière intégrant la préservation des populations sauvages en étroite interaction avec l'ensemble des structures professionnelles et des organismes de recherche déjà impliqués en Polynésie Française
- Synthétiser les connaissances scientifiques
- Elaborer et proposer des schémas de sélection appliqués
- Identifier les connaissances ou développements technologiques utiles à l'optimisation de la mise en place des schémas de sélection génétique/génomique

Illustrations :





BioGerm

Production innovante de populations monosexuées sans utilisation d'hormone exogène chez les espèces d'intérêt piscicole et développement de la cryoconservation des cellules souches germinales et du sperme à haut débit

2017 - 2020 (36 mois)

Truite *Onchorynchus mykiss* Bar *Dicentrarchus labrax*

Partenaires :



Rôle du SYSAAF :

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

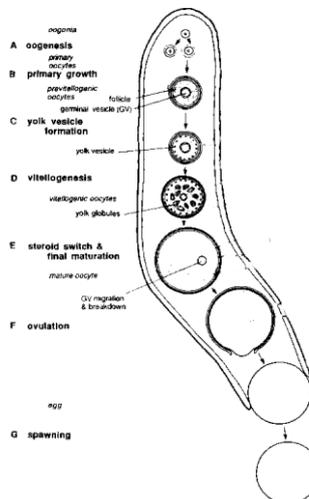
Financeurs :



Objectifs scientifiques :

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

Illustrations :





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

Partenaires :

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



Rôle du SYSAAF :

- Collecte des semences (+ ADN) de 22 lignées de truites, bar, daurade, turbot, maigre, ombrine, esturgeon sibérien, omble arctique, omble de fontaine, huître creuse (semence et larves)
- Cryopréservation de ces ressources génétiques pour stockage à la Cryobanque Nationale,
- Participation à différentes expérimentations d'optimisation des procédures de congélation et au développement de panels SNP spécifiques,

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

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



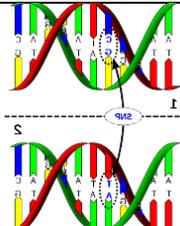
Objectifs scientifiques et techniques :

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

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

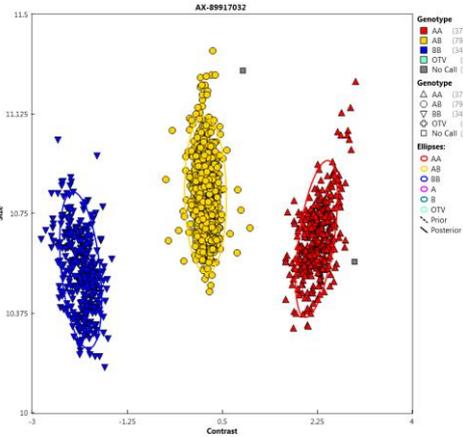
- Congélation de lignées commerciale
- Développement de panels SNP / Amélioration des procédures de congélation de semences et de larves d'huîtres (+ essai de transfert à d'autres espèces de mollusques).

Illustrations :



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

	<h2 style="text-align: center;">FishBoost</h2> <p style="text-align: center;">Amélioration de l'aquaculture Européenne par le développement de la sélection chez les 6 principales espèces piscicoles Européenne</p> <p style="text-align: center;">2013 - 2018 (4 ans)</p> <p style="text-align: center;"><i>Truite, bar, daurade, turbot, saumon, carpe</i></p>
<p>Partenaires :</p> <ul style="list-style-type: none"> - INRA (F), Università Degli Studi Di Padova (I), Universidade De Santiago De Compostela (E), Hellenic Centre for Marine Research (Gr), IMARES (NL), INIA (E), MTT (F), University of Edinburgh (GB), UMB (N), University of South Bohemia (Cz), Wageningen University (NL) - Labogena (F), FMD (F), Cluster de la Acuicultura de Galicia Asociacion (E), EMG (F) Les Sources de l'Avance (F), SYSAAF (F), European Forum of Farm Animal Breeding (NL), Andromeda, BMR Genomics (I), SalmoBreed (N) 	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Interface avec les sélectionneurs français pour la mise en œuvre des protocoles - Estimation des paramètres génétiques sur les lignées des sélectionneurs <p>Participants SYSAAF : P. Haffray, A. Bestin, A-S Tyran, D.Guéméné.</p>	
<p>Financiers : FP7</p>	
<p>Objectifs scientifiques et techniques :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Améliorer les méthodes de sélection piscicoles - Estimer les héritabilités de caractères de découpe, d'efficacité alimentaire, de substitution végétale, de reproduction, de résistance (Pancreas Disease, Koi Herpes Virus in common carp, sparicotylose, flavobacteriose, cuticociliatosis) et identifier des QTL par RADTag Sequencing - Evaluer la faisabilité d'une sélection génomique intrafamille avec un nombre limité de SNPs, - Evaluer la réponse réalisée à une sélection sur des rendements de découpe et identifier des prédicteurs - Analyse économique de programmes de sélection et de la perception des consommateurs. <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Identification de QTL de résistance à la pasteurelle, la nodavirose et la flavobactériose, - Evaluation de l'efficacité d'une sélection sur les rendements de découpe, - Evaluation de l'intérêt d'une sélection intra-familiale sur la résistance sur 20-40 SNP. <p style="text-align: right;">www.fishboost.eu</p>	

	<h2 style="text-align: center;">GeneSea</h2> <p style="text-align: center;">Sélection Génomique chez le bar et la daurade 2017 - 2020 (36 mois) Bar <i>Dicentrarchus labrax</i> et Daurade <i>Sparus aurata</i></p>
<p>Partenaires :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 10px;">      </div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> -Participation au dimensionnement et élaboration du protocole -Interface entre les sélectionneurs et les partenaires -Co-encadrement d'un doctorant CIFRE -Développement du pipeline d'analyse -Transfert et application des résultats dans les lignées des sélectionneurs <p>Participants SYSAAF : R. Morvezen, R. Griot, S. Brard-Fudulea, A. Bestin, C Blay, P. Haffray, D. Guémené</p>	
<p>Financeurs :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">      </div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> -Développer la sélection génomique chez le bar et la daurade pour améliorer la résistance à des pathologies (VNN, Vibrio, pasteurelle) -Elaborer les outils pour le faire (puces génomiques 57k SNPs, pipeline d'analyse des données, d'assignation de parenté) 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">   </div>	



GenOrmeau

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

2016 - 2019 (36 mois)

*Ormeau *Haliotis tuberculata**

Partenaires :



Rôle du SYSAAF :

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

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

Financeurs :

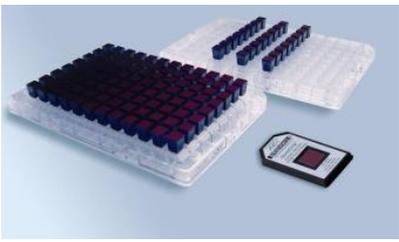


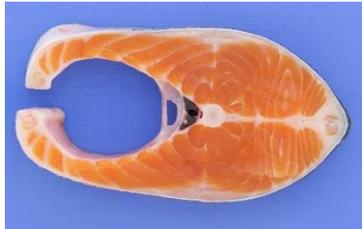
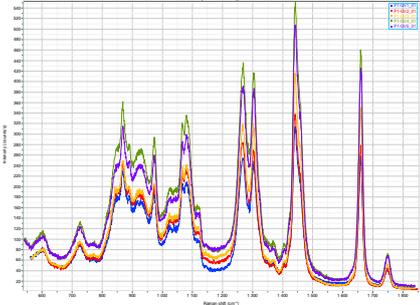
Objectifs scientifiques :

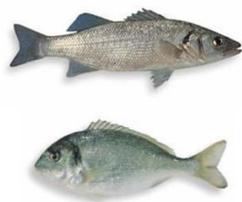
- Valider la méthode d'acquisition de nouveaux caractères phénotypiques
- Estimer les paramètres génétiques de différents caractères d'intérêt chez *Haliotis tuberculata*

Illustrations :



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

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



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

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



Rôle du SYSAAF :

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

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

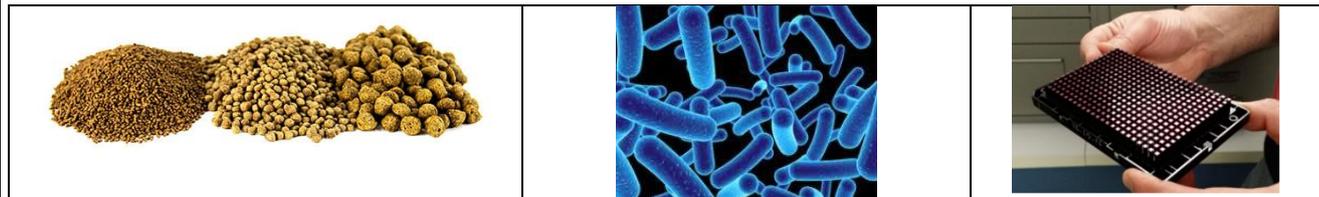
Financeurs : FEAMP mesure 47



Objectifs scientifiques :

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

Illustrations :



PhenoMir

Phénotypage non invasif à l'aide de microARNs circulants chez la truite arc-en-ciel

2018 – 2021 (36 mois)

Truite arc-en-ciel

Partenaires :

LPGP, INRA (coordinateurs)



Rôle du SYSAAF :

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

Participants SYSAAF : C.Blay, P.Haffray.

Financeurs : FEAMP 2018 mesure 47



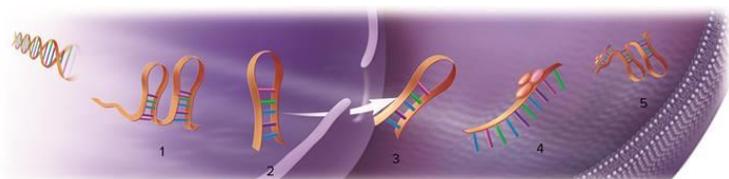
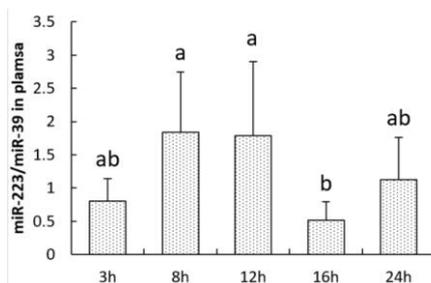
Objectifs scientifiques :

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

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

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

Illustrations :





RésiPal

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

2017 - 2019 (18 mois)

Palourde japonaise *Ruditapes philippinaum*

Partenaires :



Rôle du SYSAAF :

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

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

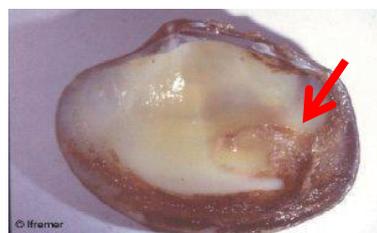
Financeurs :



Objectifs scientifiques :

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

Illustrations :



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

Partenaires :



Laboratoires et entreprises associés :



Rôle du SYSAAF :

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

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

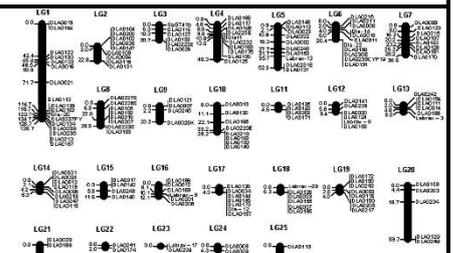
Financiers : FEAMP mesure 47



Objectifs scientifiques :

- Développer de nouvelles connaissances relatives au déterminisme génétique du sexe
 - Mettre au point un test de sexage génétique fiable et performant pour identifier de façon rapide et sûre les néo-mâles qui doivent être utilisés pour produire des populations de perches génétiquement toutes femelles
- Développer des populations monosexes femelle de perche (dimorphisme de croissance à l'avantage des femelles)

Illustrations :



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



SG-Truite

Sélection Génomique chez la truite Arc-en-Ciel
2017 - 2020 (36 mois)

Truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss*

Partenaires :



Rôle du SYSAAF :

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

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

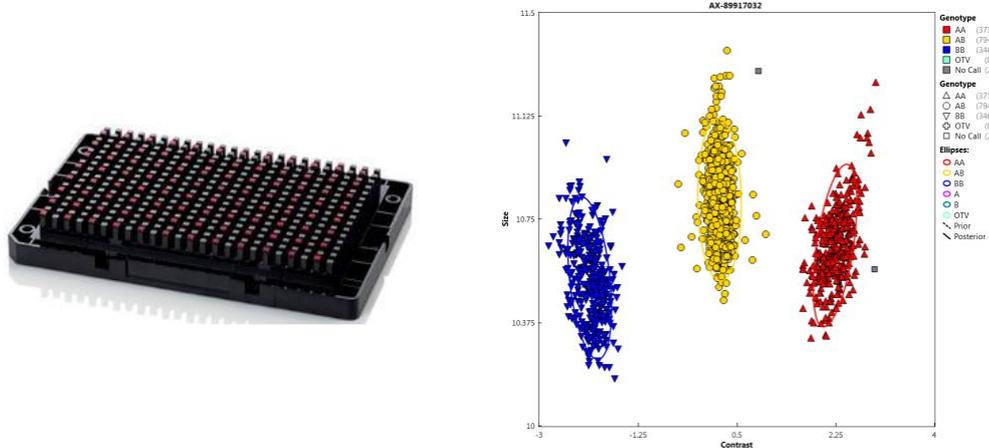
Financeurs : FEAMP mesure 47

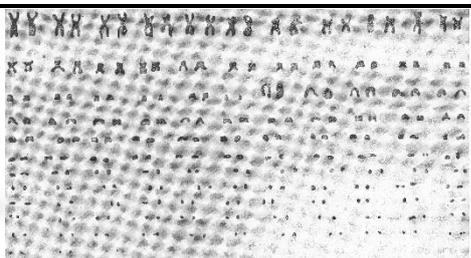


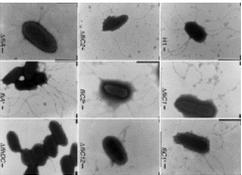
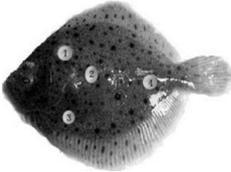
Objectifs scientifiques :

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

Illustrations :



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

	<h2 style="text-align: center;">Turboost</h2> <p style="text-align: center;">Amélioration du turbot à la résistance à <i>Edwardsiella tarda</i> et corrélations génétiques avec les caractères de production et de qualité</p> <p style="text-align: center;">2018 - 2021 (36 mois)</p> <p style="text-align: center;">Turbot <i>Scophthalmus maximus</i></p>
<p>Partenaires :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - <i>Coordination du projet</i> - <i>Conseil pour le développement d'un nouvel outil d'assignation à parenté</i> - <i>Mise au point d'une épreuve infectieuse contrôlée à <i>Edwardsiella tarda</i></i> - <i>Participation au phénotypage</i> - <i>Estimation des paramètres génétiques</i> - <i>Valorisation des résultats pour la filière turbot</i> 	
<p>Participants SYSAAF : A. Bestin, C. Blay, Y. François, D. Guémené, P. Haffray</p>	
<p>Financeurs : FEAMP mesure 47</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">     </div>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> - <i>Disposer d'un panel d'assignation à parenté avec des marqueurs SNPs</i> - <i>Appréhender l'héritabilité de la résistance à une maladie du turbot</i> - <i>Appréhender les corrélations génétiques entre caractères de croissance à différentes tailles, résistance à un pathogène, caractères de production (rendements et morphologie)</i> - <i>Disposer de prédicteurs des rendements de découpe par mesures non létales</i> - <i>Proposer à la filière turbot un schéma de sélection plus opérationnel intégrant les résultats acquis dans le cadre de Turboost</i> 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">      </div> <p style="text-align: center;">FORTIOR Genetics Une collaboration Sysaaf - Anses</p>	

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



CanArray – CanArrayV²

Développement d'une puce de génotypage utilisable pour mettre en place des programmes de sélection génomique chez le canard commun et le canard de barbarie

2017 - 2019 (3 ans)

Canard Commun, Canard de Barbarie, Canard Mulard

Partenaires :

SYSAAF (Porteur)

INRA GenPhySE (Partenaire)

INRA PEGASE (Partenaire)

Grimaud Frères Sélection (Partenaire)

Orvia Gourmaud Sélection (Partenaire)



Rôle du SYSAAF :

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

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

Financeurs :

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

canArrayV² : AgenAvi



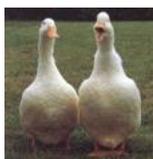
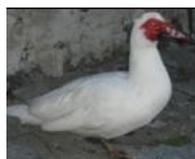
Objectifs scientifiques :

- Mise à jour du génome du canard de Barbarie, et production d'une première version du génome du canard Commun
- Acquisition de connaissances sur la diversité génétique chez le canard

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Mise à disposition d'un outil de génotypage haute-densité utilisable pour l'étude de l'architecture génétique de caractères d'intérêt et le test de la sélection génomique chez le canard Commun, chez le canard de Barbarie, et chez l'hybride issu de leur croisement
- Mise à disposition de listes de SNP pertinents pour la mise au point de panels d'assignation de parenté

Illustrations :





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

Partenaires :

INRA (Porteur) : GABI, PRC, SCRIBE

SYSAAF (Prestataire)

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



Rôle du SYSAAF :

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

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

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



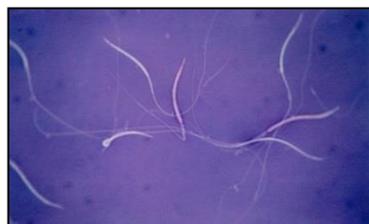
Objectifs scientifiques :

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

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

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

Illustrations :



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



FaisSigne

Mise au point et développement d'un panel SNP d'assignation de parenté chez le faisan

2018-2020 (2 ans)

Faisan de Colchide

Partenaires :

SYSAAF (Porteur)

Gen'Ethic (Partenaire)

Plateforme INRA Gentyane (Partenaire)

CNRS UMR 5554 (Partenaire)



Rôle du SYSAAF :

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

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

Financiers : AgenAvi



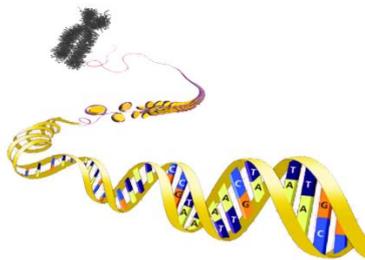
Objectifs scientifiques :

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

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

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

Illustrations :



	<h2 style="text-align: center;">GibAdapt</h2> <p style="text-align: center;">Etudier le "Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement des descendants, sa transmission épigénétique et ses conséquences adaptatives" chez une espèce modèle, la caille japonaise et une espèce de gibier, la perdrix rouge.</p> <p style="text-align: center;">2018-2021 (3 ans) Caille, Perdrix rouge</p>
<p>Partenaires : InterProchasse Université de Rennes 1 INRA IMPCF (Porteur) : SYSAAF</p>	
<p>Rôle du SYSAAF : Coordinateur</p> <ul style="list-style-type: none"> - Le SYSAAF : - est responsable de la communication entre les Parties, et coordonne notamment les échanges d'informations relatives aux Connaissances antérieures et Connaissances nouvelles entre les Partenaires scientifiques ; - coordonne l'action des Parties au quotidien ; - assure le suivi de l'avancement de la réalisation des travaux ; - convoque les Comités de pilotage, rédige et diffuse les compte-rendus, tient les registres des compte-rendus, et, de manière générale, assure le secrétariat du Projet. <p>Participants SYSAAF : M. Charrier, D. Guémené, M. Reverchon</p>	
<p>Financeurs : Interprochasse, ANRT, SYSAAF</p>	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Mettre en évidence les facteurs environnementaux générant ces influences maternelles prénatales et analyser leurs conséquences sur les capacités d'adaptation des descendants. Cette première étude sera réalisée chez la caille japonaise, en laboratoire, ce qui permettra de tester différentes conditions de milieu, les liens entre effets comportementaux et modifications physiologiques et neurologique, et la transmission de ces effets sur plusieurs générations. - Analyser les effets de ces influences maternelles prénatales et de facteurs postnatales sur la perdrix rouge et notamment sur les capacités d'adaptation, de survie et de reproduction des oiseaux, en milieu d'élevage mais aussi en milieu naturel, via le suivi d'oiseaux relâchés <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Développer des outils et solutions favorisant l'adaptation, la survie et la reproduction des gibiers d'élevage en milieu naturel dans une perspective de gestion durable des populations de gibiers 	
<p>Illustrations :</p> 	



Hybridation Caille

Développement d'un test permettant la détection d'individus issus de l'hybridation entre la Caille des Blés et la Caille japonaise

2018-2019 (1 ans)

Caille

Partenaires :

- Caillor : Joan Cabanis, Sinto Granell.
- SYSAAF : Romuald Rouger, Sophie Brard-Fudulea, Daniel Guémené.
- INRA-GenPhySE: Noémie Thébault, Frédérique Pitel, Alain Vignal.
- INRA-GABI : Bertrand Bed'hom, Xavier Rognon.
- Université de Rennes : Sophie Lumineau.



Rôle du SYSAAF :

- Coordination du génotypage (Rassemblement des échantillons, marqueurs à tester).
- Analyse statistique des données.
- Restitution sous forme d'un article de la méthode statistique mise en place.

Participants SYSAAF : R. Rouger, S. Brard-Fudulea, D. Guémené

Financeurs : Caillor, AGenAvi



Objectifs scientifiques :

- Définition d'un set de marqueurs SNP et du test statistique permettant la détection d'individus hybrides entre la Caille des Blés et la Caille japonaise.
- Définition de populations de référence pour la Caille des Blés et la Caille japonaise.
- Evaluation du niveau d'hybridation d'individus dont le statut est inconnu.

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Outils d'homologation génétique des cheptels de Caille des Blés pour les pays où son élevage est autorisé.
- Démarrage d'une collaboration avec l'ONCFS pour l'utilisation du test sur des populations sauvages.
- Test statistique permettant la traçabilité de produits terminaux issus de schémas de croisements classiques.

Illustrations :



Caille japonaise



Caille des Blés



QuailHeatE

Mécanismes épigénétiques du conditionnement précoce à la chaleur chez la caille

2016-2020 (4 ans)

Caille

Partenaires :

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



Rôle du SYSAAF :

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

Participants SYSAAF : R. Rouger, B. Desnoues.

Financeurs : ANR QuailHeatE



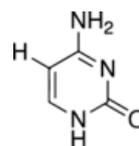
Objectifs scientifiques :

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

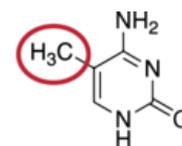
Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

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

Illustrations :



Cytosine



methylated Cytosine



RefGenDivA

Les collections avicoles de CRB-Anim : un référentiel génomique pour caractériser et gérer la diversité génétique chez la poule, de la race locale à la lignée commerciale

2017 - 2019 (3 ans)

Poule pondeuse, Poulet de chair

Partenaires :

SYSAAF (Porteur)

UMR INRA – AgroParisTech GABI (Partenaire)

Labogena DNA (Partenaire)



Rôle du SYSAAF :

- Coordination projet
- Choix des individus à génotyper
- Analyse de la variabilité génétique inter et intra population en collaboration avec l'INRA
- Développement de la méthode de choix des marqueurs pour l'assignation de parenté et à la race et validation croisée, en partenariat avec l'INRA

Participants SYSAAF : S.Brard, D. Guémené, R. Rouger

Financeurs : CRB-Anim



Objectifs scientifiques :

- Apport de connaissances sur la biodiversité avicole : compléter le référentiel génomique obtenu dans BioDivA
- Développement original d'un panel SNP à double objectif : assignation de parenté et à la race

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Mise à disposition d'un outil d'assignation de parenté *Gallus*

Illustrations :





SNPoie

Développement de ressources SNP et mise au point d'un panel d'assignation de parenté pour la reproduction naturelle de l'oie

2018-2019 (2 ans)

Oie

Partenaires :

SYSAAF (Porteur)
Grimaud Frères Sélection (Partenaire)
Orvia Gourmaud Sélection (Partenaire)
CNRS – UMR 5554



GENTYANE
PLATE-FORME de
GÉNOTYPAGE et SÉQUENÇAGE en AUVERGNE

GRIMAUD FRÈRES
SÉLECTION
LA PASSION
DU BIEN-FAIRE



Rôle du SYSAAF :

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

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

Financiers : CIFOG



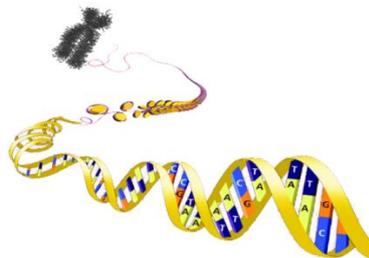
Objectifs scientifiques :

- Apport de connaissances sur les structures de populations d'oies
- Choix de marqueurs pour l'assignation de parenté

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

- Ressources génétiques (marqueurs moléculaires pour *Anser anser*)
- Mise à disposition d'un outil d'assignation de parenté pour les sélectionneurs et races locales

Illustrations :



Nouveaux programmes de recherche et développement soumis et acceptés pour un financement en 2018



SYSAAF



AQUA-FAANG

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

Partenaires : 22

Sigbjørn Lien **NBMU** (Porteur)



Rôle du SYSAAF :

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

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

Financeurs : Projet H2020



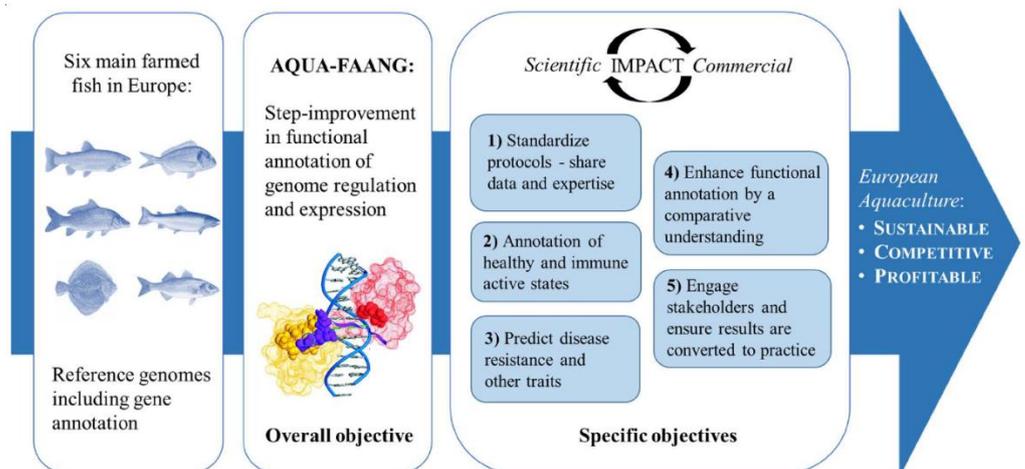
Objectifs scientifiques :

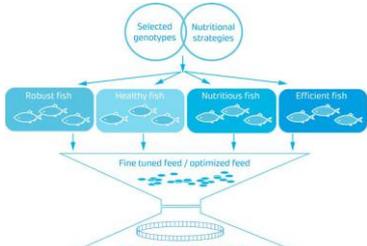
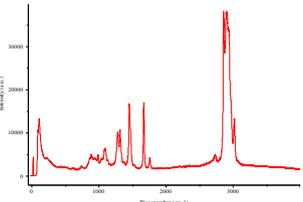
- Standardiser les protocoles d'annotation fonctionnelle
- Générer et interpréter les cartes d'annotation fonctionnelle pour des individus sains ou actifs immunitairement (challengés)
- Prédire la résistance aux maladies et performance aux autres traits d'intérêt commercial par les cartes d'annotation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

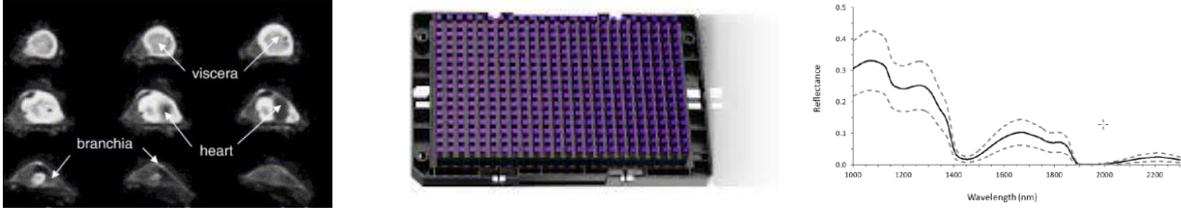
Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

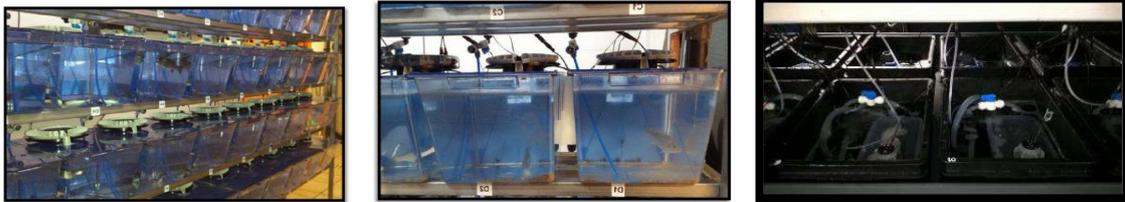
- Envisager l'application de ces résultats dans les schémas de sélection

Illustrations :



	<h2 style="text-align: center;">AquaIMPACT</h2> <p style="text-align: center;">Innovations génomiques et nutritionnelles pour les poissons d'élevage génétiquement supérieurs afin d'améliorer l'efficacité de l'aquaculture européenne</p> <p style="text-align: center;">2019 - 2022 (3 ans)</p> <p style="text-align: center;">Saumon atlantique, truite arc-en-ciel, daurade royale, bar</p>
<p>Partenaires : 22 Natural Resources LUKE, Finland (Porteur)</p>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Estimation des paramètres génétiques des teneurs en acides gras (prédiction de la teneur en AGLPI n-3 par spectrométrie vibrationnelle de type Raman) chez la daurade - Intéractions GxE chez le bar - Embauche d'une CDD pour traitement de donnée sur la plateforme SIR-ScanMat (CNRS) <p>Participants SYSAAF : C.Blay, P. Haffray, A. Bestin</p>	
<p>Financeurs : H2020-BG-2018-2020 (Blue Growth)</p> 	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Démontrer et valider de nouvelles techniques de sélection génomique et de stratégies nutritionnelles pour améliorer l'aquaculture européenne en minimisant l'impact environnemental • Renforcer les programmes de sélection aquacole grâce à la sélection génomique (efficacité alimentaire, résistance aux maladies. Evaluer les interactions GxE (cage/bassin) • Tester des nouvelles stratégies nutritionnelles personnalisées pour un poisson plus robuste, sain, nutritif et économe en ressources • Réduire l'impact environnemental (mesure d'indicateurs environnemental) <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Prédiction de la teneur en oméga 3 chez la Daurade 	
<p>Illustrations :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;">    </div>	

	<h2 style="text-align: center;">QualityHuitre</h2> <p style="text-align: center;">Sélection génomique pour l'amélioration de la qualité de l'huître 2019 – 2021 (3 ans) <i>Espèces concernées : Huitre creuse (<i>Crassostrea gigas</i>)</i></p>
<p>Partenaires : SYSAAF (Porteur) SATMAR Vendée naissain CNRS (plateforme ScanMat) IRSTEA</p>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Coordinateur du projet - Organisation des chantiers de mesure - Co encadrement avec l'Ifremer d'un(e) doctorant(e) CIFRE pour l'analyse des résultats <p>Participants SYSAAF : R. Morvezen, F Enez, S. Brard-Fudulea, P. Haffray, D. Guémené.</p>	
<p>Financeurs : FEAMP 2018 mesure 47</p> 	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nouvelles méthodes de phénotypage <ul style="list-style-type: none"> IRM comme prédicteur du sexe (validation d'une technique déjà existante) IRM comme prédicteur du rendement en chair Spectro (NIR ; Raman) pour la mesure des teneurs en lipides, protéines et glycogène -> Paramètres génétiques sur tous ces caractères • Intérêt de la génomique pour la sélection ostréicole, sur ces caractères (et les caractères classiques) <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Étude sur la possibilité de sélection sur de nouveaux caractères • Évaluation des potentialités de la sélection génomique chez l'huître 	
<p>Illustrations :</p> 	

	<p style="text-align: center;">SELFIE SELECTION for Feed efficiEncy</p> <p style="text-align: center;">2019 – 2022 (36 mois) Bar</p>
<p>Partenaires : Ifremer (coordinateur)</p>	
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Responsable du workpackage 2 Analyse génétique et génomique - Indexation génomique multi-caractères - Organisation d'un atelier lors des journées techniques pour une restitution des résultats auprès de la filière <p>Participants SYSAAF : C.Blay, P.Haffray.</p>	
<p>Financeurs : FEAMP 2018 mesure 47</p> 	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Optimiser la stratégie de phénotypage de l'efficacité alimentaire du bar • Optimiser les méthodes génomiques d'indexation des candidats à la sélection pour l'indice de conversion • Comparer les méthodes de sélection de l'indice de conversion et l'impact de cette sélection sur le métabolisme énergétique et les rendements productifs (taux de gras, rendement de carcasse...) <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Le SYSAAF fera une restitution auprès de la filière pour transférer l'intérêt des indexations multi caractères à la profession pour améliorer la sélection sur l'efficacité alimentaire • Mis en place d'une stratégie de sélection génomique de l'indice de conversion du bar et inclusion du caractère dans l'index de sélection pour EMG • Objectif général de « blue growth »; réduction impact environnemental de la production de bar • Mieux appréhender l'architecture génétique, génomique et physiologique de l'efficacité alimentaire du bar 	
<p>Illustrations :</p> 	

	<h2 style="text-align: center;">S'STURGEON</h2> <p style="text-align: center;">Développement d'outils et de stratégies de sélection génomique pour l'amélioration de la filière caviar d'esturgeon en France 2019 – 2021 (36 mois) <i>Esturgeon du Danube</i> <i>Acipenser Gueldenstaedtii</i> <i>Esturgeon Sibérien</i> <i>Acipenser Baerii</i></p>
<p>Partenaires : INRA –LPGP (porteur) CNRS-MGX INRA-SIGENAE INRA-GDEC SYSAAF</p>	<div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>
<p>Rôle du SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none">- Collecte et phénotypage du matériel animal- Validation et optimisation de la sélection génomique- Transfert à la profession	
<p>Participants SYSAAF : P. Patrice, A. Bestin, R. Morvezen</p>	
<p>Financeurs : FEAMP mesure 47</p>	<div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"></div>
<p>Objectifs scientifiques :</p>	<ul style="list-style-type: none">- Analyse et séquençage du génome d'une espèce polyploïde : l'Esturgeon du Danube (<i>A. gueldenstaedtii</i>)- Développement d'une puce génomique 600k marqueurs et bi-espèce (<i>A. gueldenstaedtii</i> et <i>A. baerii</i> [ressources génomiques issues du projet FEAMP SiberSex])- Mise en place et développement de la sélection génomique chez deux espèces d'esturgeons (<i>A. gueldenstaedtii</i> et <i>A. baerii</i>)
<p>Illustrations :</p>	<div style="display: flex; justify-content: space-around;"></div>



Fertimâle

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

Partenaires : 5

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



Rôle du SYSAAF :

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

Participants SYSAAF : M. Reverchon, D. Guémené.

Financeurs : CRB-Anim



Objectifs scientifiques :

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

Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :

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

Illustrations :



	<p style="text-align: center;">PPILOW</p> <p style="text-align: center;">Poultry and pig low-input and organic production system's welfare. Le bien-être des volailles et du porc dans le système de production bio.</p> <p style="text-align: center;">Date (60 mois) (2019-2024)</p> <p style="text-align: center;">porcin, volaille</p>
<p>Partenaires : INRA (Porteur) (Partenaire)</p>	
<p>Rôle du SYSAAF : Le SYSAAF fédère les professionnels de la sélection de poule pondeuse et les représente dans le consortium de PPILOW. En outre, le SYSAAF contribue activement aux travaux de recherche du Work Package N° 5 et pilote la tâche N° 5.2 portant sur l'évaluation du potentiel de production des croisements à double objectif dans des environnements différents en vue d'explorer de nouvelles voies de valorisation des poussins mâles d'un jour issus de la filière ponte.</p> <p>Participants SYSAAF : <i>N. Alnahhas, M. Reverchon, D Guémené.</i></p>	
<p>Financeurs : Horizon 2020</p> 	
<p>Objectifs scientifiques :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Identifier les obstacles au bien-être des volailles et des porcs élevés en plein air biologiques et à faibles intrants • Co-crée, avec les utilisateurs finaux, des stratégies et des techniques innovantes de sélection, et d'élevage • Tester expérimentalement et sur le terrain le potentiel des innovations identifiées • Réaliser des analyses multicritères de la sélection la plus prometteuse <p>Développements attendus pour les adhérents SYSAAF :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Un inventaire des pratiques d'élevage en plein air et avec faibles intrants • Les attentes des citoyens en ce qui concerne le concept du « bien-être unique » • Nouvelles connaissances sur les capacités d'adaptation de la volaille et des porcs et sur les effets de l'interaction entre la génétique et l'environnement pour améliorer le bien-être, l'utilisation optimale de l'espace extérieur et éviter les mutilations et les comportements nuisibles. 	
<p>Illustrations</p>	

Annexe 4 : Liste des publications-communications des agents du SYSAAF en 2018**1 - Articles primaires publiés dans périodiques à comité de lecture ou ouvrages**

- 1- Aslam, M. L., Carraro, R., **Bestin, A.**, Sophie Cariou, S., Sonesson, A. K., Bruant, J.-S., **Haffray, P.**, and Luca Bargelloni, L. M., T. H. E. (2018). Genetics of resistance to pasteurellosis in gilthead sea bream (*Sparus aurata*) using 2b-RAD sequencing. BMC genetics 19 (1), 43. doi.org/10.1186/s12863-018-0631-x.
- 2- **D'Ambrosio, J.**, Phocas, F., Haffray, P., Bestin, A., Brard-Fudulea, S., Poncet, C., Quillet, E., Dechamp, N., Fraslin, C., Charles, M., Dupont-Nivet, M. 2018 Genome-wide estimates of genetic diversity, inbreeding and effective size of experimental and commercial rainbow trout lines undergoing selective breeding. (Genetics Selection Evolution.)
- 3- **Fraslin, C.**, Dechamp, N., Bernard, M., Krieg, F., Hervet, C., Guyomard, R., Esquerré, D., Barbieri, J., Kuchly, C., Duchaud, E., Boudinot, Rochat, T., Bernardet J.F., Quillet E., Quantitative trait loci for resistance to *Flavobacterium psychrophilum* in rainbow trout: effect of the mode of infection and evidence of epistatic interactions. 2018. Genetics Selection Evolution. 16; 50(1):60. doi: 10.1186/s12711-018-0431-9.
- 4- **Fraslin, C.**, Dupont-Nivet, M., **Haffray, P.**, **Bestin, A.**, Vandeputte, M., 2018. How to genetically increase fillet yield in fish: New insights from simulations based on field data. Aquaculture. 486:175-183.
- 5- **Fraslin, C.**, **Brard-Fudulea, S.**, **D'Ambrosio, J.**, **Bestin, A.**, Charles, M., **Haffray, P.**, Quillet, E., Phocas, F., 2019. Rainbow trout resistance to bacterial cold water disease: two new QTL identified after a natural disease outbreak in a French farm. 2019. Anim Genet. <https://doi.org/10.1111/age.12777>
- 6- **Haffray, P.**, **Enez, F.**, Bugeon, J., Chapuis, H., Chatain, B., Dupont-Nivet, M., 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, 350-354.
- 7- Harney, E., Lachambre, S., Roussel, S., Huchette, S., **Enez, F.**, **Morvezen, R.**, **Haffray, P.**, Boudry, P., 2018. Transcriptome based SNP discovery and validation for parentage assignment in hatchery progeny of the European abalone (*Haliotis tuberculata*). Aquaculture 491, 105–113.
- 8- Labbe, C., **Haffray, P.**, Mingant, C., Quittet, B., Diss, B., Tervit, R., Adams, S., Rimond, F., Suquet, M., 2018. Cryopreservation of Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) larvae: revisiting the practical limitations and scaling up the procedure for application to hatchery. Aquaculture, 488, 227-234. doi.org/10.1016/j.aquaculture.2018.01.023.
- 9- Leroy, G., Gicquel, E., Boettcher, P., Besbes, B., Furre, S., Fernandez, J., Danchin-Burge, C., **Alnahhas, N.**, Baumung, R. 2018. Coancestry rate's estimate of effective population size for genetic variability monitoring. Conservation Genetics Resources (In Press, accepted at the 17/09/2018).
- 10- Palaiokostas, C., Cariou, S., **Bestin, A.**, Bruant, J.-S., **Haffray, P.**, Morin, T., Cabon, J., Allal, F., Vandeputte, M., Houston, R., 2018. Genome-wide association and genomic prediction of resistance to viral nervous necrosis in European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) using RAD sequencing. Genetics Selection Evolution. 8;50 (1):30. doi.org/10.1186/s12711-018-0401-2.
- 11- Prchal, M., **Bestin, A.**, Bugeon, J., Vandeputte, M., 2018. The genetics of overwintering performance in two-year old common carp and its relation to performance until market size. *Plos One*.
- 12- Prchal, M., Bugeon, J., Vandeputte, M., Kause, A., Vergnet, A., Zhao, J., Gela, D., Genestout, L., **Bestin, A.**, **Haffray, P.**, Kocour, M., 2018. Potential for genetic improvement of the main slaughter yields in common carp with in vivo morphological predictors. *Frontiers in Genetics*. 9:283
- 13- Prchal, M., Bugeon, J., Vandeputte, M., Vergnet, A., **Haffray, P.**, Zhao, J., Gela, D., Genestout, L., **Bestin, A.**, Kause, A., Kocour, M. 2018. Investigation of indirect selection criteria for genetic improvement of slaughter yields in market size common carp. *Front. Genet.* 9:283, doi: 10.3389/fgene.2018.00283.
- 14- **Thélie, A.**, **Bailliard, A.**, Seigneurin, F., Zerjal, T., Tixier-Boichard, M., Blesbois, E., 2019. Chicken semen cryopreservation and use for the restoration of rare genetic resources. *Poultry Science* 98(1), 447–455, <https://doi.org/10.3382/ps/pey360>. A correction has been published: *Poultry Science* 98(1), Volume 98, p 500, <https://doi.org/10.3382/ps/pey441>
- 15- Vignal, A., Boitard, S., Thébault, N., Guiguigbaza-Kossigan D., Yapi-Gnaore, V., Issaka Youssao Abdou, K., Berthouly-Salazar, C., Pálinkás-Bodzsár, N., **Guémené, D.**, Thibaud-Nissen, F., Warren, W.-C., Tixier-Boichard, M., Rognon, X., 2019. A guinea fowl genome assembly provides new evidence on evolution following domestication and selection in galliformes. *Molecular Ecology Resources*. 00: 1–18. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13017>

2 - Synthèse publiés dans périodiques à comité de lecture

- 16- Chiron, G., **Chapuis, H.**, Tixier-Boichard, M., Restoux, G., Vieaud, A., **Seigneurin F.**, Petitjean, F., **Guémené, D.**, 2018. Mise en place de moyens et d'outils pour une politique de conservation des races locales avicoles. *Innovations agronomiques*. 63 : 357-371. [dx.doi.org/10.15454/1.519118989168768E12](https://doi.org/10.15454/1.519118989168768E12)

3 - Articles publiés dans périodiques sans comité de lecture

4 - Communications courtes dans congrès et symposiums internationaux

- 17- Allal, F., Doan, K. Q., Chatain, B., Vergnet, A., **Haffray, P.**, Vandeputte, M., 2018. Genome-wide association study and genomic evaluation for resistance to viral necrosis in wild populations of European seabass (*Dicentrarchus labrax*). World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018. (Oral presentation).
- 18- Allal, F., Duranton, M., **Morvezen, R.**, **Bard-Fudulea, S.**, Poncet, C., Belmonte, B., **Griot, R.**, Bruant, J-S., Cariou, S., Bajek, A., Peyrou, B., Vandeputte, M., **Haffray, P.**, Gagnaire, P-A., 2018. Development and characterization of a 57K single nucleotide polymorphism array for European Seabass. World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018. (Oral presentation).
- 19- Allal, F., **Morvezen, R.**, **Brard-Fudulea, S.**, **Griot, R.**, Cariou, S., Bruant, J.-S., Bajek, A., Peyrou, B., Poncet, C., Belmonte, E., Jaimet, C., Vandeputte, M., **Guémené, D.**, **Haffray, P.**, Gagnaire, P.-A 2018 Development of the Axiom DLAB Chip, a 57k single nucleotide polymorphism array in the European Sea bass, characterization in EMG and FMD selected lines. International Symposium of Genetics in Aquaculture XIII, Cairns, Australia 15-20th July 2018 (Poster).
- 20- **Bestin, A.**, Brunel, O., Malledant, A., Benoît, P., **Guémené, D.**, **Enez, F.**, Chapuis, H., **Haffray, P.**, 2018. Genetic parameters of caviar production in DNA-pedigreed octoploid siberian sturgeon (*Acipenser baerii*). International Symposium of Genetics in Aquaculture XIII, Cairns, Australia 15-20th July 2018. (Oral presentation).
- 21- **Bestin, A.**, Perez, A. A., Cachelou F., **Guémené, D.**, **Haffray, P.**, 2018. Very high genetic correlation for egg production traits between two successive spawning in rainbow trout. World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018. (Oral presentation).
- 22- **Charrier, M.**, 2018. Prenatal maternal stress impairs the development of cognitive abilities in Japanese quail (*Coturnix c. japonica*). European Conference on Behavioral Biology, Liverpool, 9-12th august 2018. (Communication affichée).
- 23- **D'Ambrosio, J.**, Phocas, F., **Haffray, P.**, Quillet, E., **Bestin, A.**, **Fraslin, C.**, Dechamp, N., Dupont-Nivet, M., 2018. Heterogeneity of genetic diversity throughout the genome in French rainbow trout populations. International Symposium of Genetics in Aquaculture XIII, Cairns, Australia 15-20th July 2018. (Poster).
- 24- **D'Ambrosio, J.**, Phocas, F., **Haffray, P.**, Quillet, E., **Bestin, A.**, **Fraslin, C.**, Dechamp, N., Dupont-Nivet, M., 2018. Genomic estimates of diversity between and within French rainbow trout populations. World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018. (Oral presentation).
- 25- **D'Ambrosio, J.**, **Morvezen, R.**, **Brard-Fudulea, S.**, **Bestin, A.**, **Haffray, P.**, Dupont-Nivet, M., Phocas F., 2019. Development of genomic predictions for female reproduction traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). GRC and GRS on QUANTITATIVE GENETICS AND GENOMICS II Ciocco, Italy, 9–15 February 2019.
- 26- **D'Ambrosio, J.**, **Morvezen, R.**, **Brard-Fudulea, S.**, **Bestin, A.**, **Haffray, P.**, Dupont-Nivet, M., Phocas, F. 2019 Factors of variation of genomic selection accuracy for female reproduction traits with a constant reference population size of rainbow trouts GRC and GRS on QUANTITATIVE GENETICS AND GENOMICS II Ciocco, Italy, 9–15 February 2019.
- 27- **Enez F.**, **Haffray P.**, 2018. Efficiency of within-group mass selection for threshold trait as disease resistance to manage inbreeding and ensure genetic gain: a simulation study. World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018. (Oral presentation).
- 28- **Enez, F.**, Lorgeoux, B., Mahunon, H., Bugeon, J., Vandeputte, M., Gagnaire, P.-A., Bierne, N., Blanc, P.-P., **Haffray, P.** 2018. Genetic parameters for growth and colour traits in Pacific blue shrimp *Litopenaeus stylirostris* in a mixed family design with SNP parentage assignment in New-Caledonia. XIth World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Aotea Centre, Auckland, New Zealand, 11–16 February 2018.
- 29- **Enez, F.**, **Morvezen, R.**, Lamy, J.-B., Degrémont, L., **Guémené, D.**, Mahla, R., Genestout, L., **Bestin, A.**, Bouckellyoen, L., Da Costa, F., Vétois, E., Lange, A., Lapègue, S., **Haffray, P.**, 2018. Mass selection with factorial mating designs and DNA-parentage assignment is usable to improve survival to summer mortality

- in Pacific oyster (*Crassostrea gigas*). World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018. (Oral presentation).
- 30- **Fraslin, C., Brard-Fudulea, S., D'Ambrosio, J., Bestin, A.,** Charles, M., **Haffray, P.,** Phocas, F., Quillet, E., Rainbow trout resistance to *Flavobacterium psychrophilum*: a genome wide association study in a French population after a natural disease outbreak. 2018. World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018. (Oral presentation).
- 31- **Fraslin, C.,** Palaikostas, C., Dechamp, N., Bernard, M., Rochat, T., Bernardet J.F., Houston R., Quillet E., Resistance to *Flavobacterium psychrophilum* in rainbow trout: QTL detection reveals effect of infection route and epistatic interactions. 2018. 13th International Symposium of Genetics in Aquaculture, 15-20th July 2018. (Cairns, Australia).
- 32- **François, Y., Alnahhas, N., Brard, S.,** Chapuis, H., Elsen, J-M., Le Roy, P. 2018. Deterministic modeling of a poultry selection scheme. XIth World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP), Auckland, New-Zealand, 11-16th February 2018. (Poster).
- 33- **François, Y.,** Baud, M., Debossé, E., Louboutin, L., Larvor E., Baron S., Cochet, J.-M., Mimaud, A., Delval, H., Morin, T. Implementation and qualification of an ozonation system for the treatment of effluents from experimental fish facilities. World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018. (Poster).
- 34- Genestout, L., & **Morvezen, R.,** 2018. Genomic solutions for shellfish breeding. World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018.
- 35- **Griot, R.** APIS: a new auto-adaptative parentage inference software tolerant to missing parents. XIIIth International Symposium of Genetics in Aquaculture (ISGA XIII), Cairns, Australia, 15-20 July 2018. (Oral presentation).
- 36- **Haffray, P., Bestin, A., Enez, F.,** Courant, S., **Guémené, D.,** Desgranges, A., Allal, F., Dupont-Nivet, M., Vandeputte, M., 2018. Genetic parameters of resistance to gastroenteritis (RTGE) and rainbow trout fry syndrome (RTFS) in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) and their genetic correlations with production traits. World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018. (Oral presentation).
- 37- Lachambre, S., Roussel, S., Huchette, S., Chenevert, K., Lambert, C., Bugeon, J., **Bestin, A., Morvezen, R., Enez, F., Haffray, P.,** Boudry, P., 2018. Estimation of genetic parameters of growth, morphologic, immune and behavioral traits in a mixed-family cohort of the European abalone *Haliotis tuberculata*. XIIIth International Symposium of Genetics in Aquaculture (ISGA XIII), Cairns, Australia, 15-20 July 2018. (Oral presentation).
- 38- Lachambre, S., Roussel, S., Huchette, S., Chenevert, K., Lambert, C., Bugeon, J., **Bestin, A., Morvezen, R., Enez, F., Haffray, P.,** Boudry, P., 2018. Estimation of genetic parameters of growth, morphologic, immune and behavioral traits in a mixed-family cohort of the European abalone *Haliotis tuberculata*. World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018. (Oral presentation).
- 39- **Morvezen, R., Bestin, A., Tiriou, A.-S.,** Pallandre, L., Cabon, J., François, Y., Cariou, S., Bruant, J.-S., Coulombet, C., Bajek, A., Vandeputte, M., Allal, F., Morin, T., **Guémené, D., Haffray, P.,** 2018. Heritabilities of resistance to VNN and vibriosis and genetic correlations with production traits and processing yields in two selected commercial lines of the European sea bass *Dicentrarchus labrax*. XIIIth International Symposium of Genetics in Aquaculture (ISGA XIII), Cairns, Australia, 15-20 July 2018. (Oral presentation).
- 40- Palaikostas, C., Kocour, M., Vesely, T., Cariou, S., **Bestin, A.,** Bruant, J.-S., **Haffray, P.,** Morin, T., Allal, F., Prchal, M., Pokorova, D., Piackova, V., Pojezdal, L., Vandeputte, M., Houston, R., 2018. Genome-wide association and genomic prediction of resistance to viral nervous necrosis in European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) using RAD sequencing. XIth World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP), Auckland, New Zealand, 11-16th February 2018. (Poster).
- 41- Prchal, M., Bugeon, J., Vandeputte, M., Kause, A., Vergnet, A., Zhao, Z., Gela, D., Genestout, L., **Bestin, A., Haffray, P.,** Kocour, M., 2018. Potential for genetic improvement of the main slaughter yields in common carp with in vivo morphological predictors. World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018. (Oral presentation).
- 42- Vandeputte, M., Bugeon, J., **Bestin, A.,** Desgranges, A., Courant, S., Allamellou, J.-M., **Tyran, A.-S.,** Allal, F., Dupont-Nivet, M., **Haffray, P.,** 2018. A first demonstration of realized selection response for fillet yield in Rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*. XIIIth International Symposium of Genetics in Aquaculture (ISGA XIII), Cairns, Australia, 15-20 July 2018. (Poster).

- 43- Vandeputte, M., Bugeon, J., **Bestin, A.**, Desgranges, A., Courant, S., Allamellou, J.-M., **Tyran, A.-S.**, Allal, F., Dupont-Nivet, M., **Haffray, P.**, 2018. Successful realized selection response for fillet yield in rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*. World Aquaculture Congress, Montpellier, 25-29th August 2018. (Oral presentation).

5 - Communications courtes dans des congrès scientifiques et symposiums nationaux

- 44- **Charrier, M.**, Lumineau, S., Nicolle, C., Lormant, F., Bertin, A., Arnoud, C., Darmaillacq, A.-S., Dickel, L., Calandreau, L., Houdelier, C., 2019. Le stress maternel prénatal module le développement des capacités cognitives chez la caille japonaise. 13^{ème} Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras. Tours, 20-22 Mars, 2019. 601-605. (Communication orale).
- 45- **Charrier, M.**, Impact neurobiologique et comportemental d'un stress maternel prénatal chez la caille japonaise (*Coturnix c. japonica*). Colloque de la SFECA, Rennes, 19-21 juin 2018. (Communication affichée).
- 46- **Morvezen, R., Enez, F.**, Lachambre, S., Harney, E., Roussel, S., Huchette, S., Haffray, P., Boudry, P., 2018 Using genotyping technologies in selective breeding: existing tools, benefits and perspectives for abalone aquaculture. Colloque France Haliotis, Aber Wrac'h, 20 Septembre 2018.
- 47- Piegu, B., Arensburger, P., Beauclair, L., Chabault, M., Raynaud, E., Coustham, V., **Brard-Fudulea, S.**, Guizard, S., Le Bihan-Duval, E., Bigot, Y. 2019. Variations structurales du génome entre des populations sauvages et domestiques de poules Gallus Gallus. 13^{èmes} Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, Tours, mars 2019. (Poster).
- 48- **Rouger, R., Brard-Fudulea, S., Thébault, N.**, Pitel, F., Vignal, A., Bed'Hom, B., Rognon, X., Lumineau, S., **Guémené, D.**, 2019. Développement d'un panel de marqueurs SNP pour détecter l'hybridation entre la caille des blés et la caille japonaise. 13^{ème} Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras. Tours, 20 - 22 Mars. 80-84. (Communication orale).
- 49- **Reverchon, M., Bailliard, A., Seigneurin, F.**, Gourichon, D., Baumard, Y., Zerjal, T., Duclos, D., Grasseau, I., Blesbois, E., Tixier-Boichard, M., **Guémené, D.**, Thélie, A., 2019. Cryopréservation de semences des espèces avicoles et illustration d'un exemple de valorisation. 13^{ème} Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras. Tours, 20 - 22 Mars, 2019. 601-605. (Communication affichée).
- 50- **Thébault, N.**, Riquet, J., Diot, C., **Brard-Fudulea, S., Guémené, D.**, Blanchet, M., Le Mignon, G., Demeure, O., Alletru, B., Cornil, M., Bouleau, P., Vignal, A., 2019. Développement d'une puce de génotypage haute densité 600K pour le canard commun et le canard de Barbarie. 13^{ème} Edition des Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras. Tours, 20 - 22 Mars, 2019. 75-79. (Communication affichée).
- 51- Vignal, A., Boitard, S., Thébault, N., Guiguigbaza-Kossigan, D., Yapi-Gnaore, V., Youssao, I., Berthouly-Salazar, C., Pálinkás-Bodzsár, N, **Guémené, D.**, Thibaud-Nissen, F., Wesley W.C., Tixier-Boichard, M., Rognon, X., 2019. Séquençage du génome entier et diversité génétique de populations sauvages et domestiques de pintade. 13^{ème} Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras. Tours, 20 - 22 Mars, 2019. 70-74. (Communication affichée).

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

- 52- Alletru, B., Demeure, O., **Guémené, D.** Le projet « CanArray » un outil de pointe au service de la tradition, grâce à une puce de génotypage pour les canards. Séminaire "Sélection et diversité animale pour les territoires : Quels outils pour les politiques de demain ? " organisé par le Réseau Rural National, en partenariat avec le Bureau du lait et de la sélection animale du Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation. 20 mars 2018.
- 53- **Bestin, A., Haffray, P.** Ultrasound tomography: sexing fish and predicting processing yields in aquaculture species. IMV Workshop, Montpellier, France. 30 août 2018. (Communication orale).
- 54- **Brard-Fudulea, S., Morvezen, R.** La Génomique au SYSAAF. AG du SYSAAF, Paris, 13 Juin 2018
- 55- **Blay, C.**, 2018. Présentation des compétences personnelles. Assemblée générale du SYSAAF. (Paris, 13/06/18)
- 56- **Charrier, M.**, Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement des descendants, sa transmission épigénétique et ses conséquences adaptatives, 1er comité de thèse. 2018.
- 57- **Charrier, M.** Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement des descendants, sa transmission épigénétique et ses conséquences adaptatives, Assemblée Générale du laboratoire EthoS. 2018

- 58- **Charrier, M.** Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement des descendants, sa transmission épigénétique et ses conséquences adaptatives, Séminaire de rentrée du SYSAAF. 26-27 septembre 2018.
- 59- **Charrier, M.** Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement des descendants, sa transmission épigénétique et ses conséquences adaptatives, Assemblée Générale de l'Interprochasse. 2018
- 60- **D'Ambrosio, J.** Communication dans le cadre séminaire réunissant les unités de Sciences Animales de Paris Saclay (SAPS) Animation scientifique interne de SAPS, vendredi 1er juin 2018.
- 61- **D'Ambrosio, J.**, 2018. Présentation des compétences personnelles. Assemblée générale du SYSAAF. (Paris, 13/06/18)
- 62- **Fraslin, C., D'Ambrosio J., Haffray, P.,** Quillet, E., Phocas, F., Résultats préliminaires : Identification des marqueurs de résistance à la flavobactériose par GWAS. Décembre 2017 (Rennes, France). Journées techniques piscicoles du SYSAAF.
- 63- **Griot, R.**, 2018. Présentation des compétences personnelles. Assemblée générale du SYSAAF. (Paris, 13/06/18).
- 64- **Haffray, P.**, 2018. Utilisation du FEAMP pour innover en sélection d'espèces aquacoles. Atelier « L'innovation et la recherche » soutenu par le FEAMP : Quels projets et retombées pour la conchyliculture ? FranceAgriMer. Salon ostréicole de Vannes 9 octobre 2018.
- 65- **Haffray, P.**, 2018. Quelques clés pour le développement de l'amélioration génétique de l'huître perlière à partir de l'expérience acquise en France. Forum de la perliculture, « Synopsis sur les écloséries d'huîtres perlières », Papeete, 28 octobre 2018.
- 66- **Guémené, D.** 2018. Génétique et Sélection, Bien-être, comportement et Santé Animale, Systèmes et Pratiques d'élevage, Qualité des produits dans les filières volailles : Cercle vertueux ou quadrature du cercle ? Meeting MSD Santé Animale. Saint-Malo, 11 Sept. 2018 (Communication orale).
- 67- **Guémené, D.** 2018. Quelques faits marquants illustrant les activités du SYSAAF. Commission Nationale d'Amélioration Génétique, 23 Oct. 2018.
- 68- Mazeiraud, E., **Guémené, D.**, 2018. Une production piscicole répondant aux enjeux de demain grâce à la sélection génomique. Illustration d'une démarche avec l'exemple du Groupe Coopératif Aqualande. Séminaire "Sélection et diversité animale pour les territoires : Quels outils pour les politiques de demain ?" organisé par le Réseau Rural National, en partenariat avec le Bureau du lait et de la sélection animale du Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation. 20 mars 2018.
- 69- **Morvezen, R., Brard-Fudulea, S., Haffray, P.**, 2019. La sélection génomique au SYSAAF. Journées du SFAM, Montpellier, 21 Mars 2019.
- 70- **Patrice, P.**, 2018. Présentation des compétences personnelles. Assemblée générale du SYSAAF. (Paris, 13/06/18).
- 71- **Reverchon, M.**, 2018. Présentation des compétences personnelles. Assemblée générale du SYSAAF. (Paris, 13/06/18).
- 72- **Rouger, R.**, 2018. Présentation des compétences personnelles. Assemblée générale du SYSAAF. (Paris, 13/06/18)
- 73- **Rouger, R.**, 2018. Présentation des options de sélection possible pour la mouche soldat noire. (Gouzeaucourt, Innovafeed, 12/12/18).
- 74- **Rouger, R.**, 2019. Développement d'un panel de marqueurs SNP pour détecter l'hybridation entre la Caille des Blés et la Caille Japonaise. Conseil d'administration d'Interprochasse. (Paris, 05/02/19).
- 75- **Rouger, R.**, 2019. Développement d'un panel de marqueurs SNP pour détecter l'hybridation entre la Caille des Blés et la Caille Japonaise. Forum Gibier & Chasse. (Paris, 01/03/19).
- 76- **Rouger, R.**, 2019. Bilan de sélection des 4 lignées de Bresse. Commission de sélection de la volaille de Bresse. (Saint-Etienne-du-Bois, 28/03/19).

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

- 77- **Brard-Fudulea, S.** 2018. CRB-Anim. Projet RefGenDivA – point d'avancement 2018.
- 78- **Brard-Fudulea, S.** 2018. Projet FaiSigne – point d'avancement 2018.
- 79- **Brard-Fudulea, S.** 2018. Projet SNPois – point d'avancement 2018.
- 80- **Brard-Fudulea, S.** 2018. Projet CanArray – point d'avancement 2019.

- 81- **Enez, F., Morvezen, R.,** Allamelou, J-M., Mahla, R., Genestout, L., Lamy, J-B., Lapègue, S., Dégremont, L., **Guémené, D., Haffray, P.,** 2018. Validation d'une méthode de sélection massale intra-groupe assistée par marqueurs pour améliorer la résistance génétique de l'huître creuse *Crassostrea gigas* à 2 maladies majeures de la filière. Rapport final de la convention FranceAgrimer N° Contrat 4120154177, 64 p.
- 82- **Guémené, D.** 2018. Compte Rendu d'Activité du SYSAAF 2017. 142p.
- 83- **Guémené, D.** 2018. Programme Génétique Avicole et Aquacole National 2018 (PNDAR). Action élémentaire 3 : Gestion du patrimoine zoogénétique et de la biodiversité d'espèces Avicoles et Aquacoles. Programme Génétique Animale CASDAR. 20p.
- 84- **Guémené, D.** 2018. Dossier CIR SYSAAF : Fiche descriptive du projet R&D conduit par le SYSAAF en 2017. 45p.
- 85- **Haffray, P.,** Bruant, J-S., **Bestin, A., Morvezen, R., Enez, F.,** Duchaud, E., Quillet, E., **Fraslin, C.,** Dechamps, N., Doan, K.Q., Bernardet, J-F., Cariou, S., Petit, V., Acin-Perez, A., Bajek, A., Ventre, F., Caprioli, J-P., Desgranges, A., Pallandre, L., Morin, T., Allal, F., Vandeputte, M., Dupont-Nivet, M., AQUIMER., 2018. Projet RE-SIST. Amélioration par sélection de la résistance des poissons d'élevage aux agents pathogènes. Rapport de fin de projet à l'appel à projets FUI 15. 54 p.
- 86- **Haffray, P., Fraslin, C., D'Ambrosio, J., Bestin, A., Enez, F.,** Phocas, F., Quillet, E., Dupont-Nivet, M., 2018. 57K-TRUITE : Caractérisation génétique des populations françaises de truite arc-en-ciel à l'aide de la première puce 57 000 SNP et premières applications. Rapport final de la convention FranceAgrimer n° SIVAL : 2015 – 0638, 28 p.
- 87- **Rouger, R.** 2018. Rapport d'analyse - Détection d'individus hybrides entre la caille des blés et la caille japonaise.

8 - Documents diplômants (Agents et Stagiaires encadrés)

- 88- **Clémence Fraslin** (2015-2018). **Titre :** Bases génétiques de la réponse à l'infection par *Flavobacterium psychrophilum* chez la truite arc-en-ciel : approche expérimentale et perspectives en sélection. Thèse de Doctorat de l'Université Paris-Saclay. 307p. **Soutenu** le 20 Décembre 2018. [Contrat CIFRE]
- 89- **Pierrick Haffray** (-2018). Amélioration d'un programme de sélection massale sur la croissance chez la truite arc-en-ciel par introduction d'une sélection BLUP pour des caractères de qualité grâce aux empreintes génétiques. Thèse de Doctorat de l'Université Bretagne-Loire en Génétique, Génomique et Bio-informatique. 162p. **Soutenu** le 9 Novembre 2018.

9 - Documents internes

- 90- **Brard-Fudulea, S.** 31/01/2018 : Comité de pilotage RefGenDivA – bilan prélèvement.
- 91- **Brard-Fudulea, S., Morvezen, R.,** 2018. La Génomique au SYSAAF. AG du SYSAAF, Paris, 13 Juin 2018.
- 92- **Brard-Fudulea, S.** Restoux, G., **Alnahhas, N.,** Rognon, X., **Rouger, R.,** Vieaud, A., **Guémené, D.,** Tixier-Boichard, M. 2018 : Conseil scientifique du CRB-Anim – RegGenDivA : Un panel de SNP's pour l'assignation raciale et le contrôle de filiation chez le poulet. 30 Nov. 2018.
- 93- **Brard-Fudulea, S.** 2018 : Comité de pilotage RefGenDivA – bilan génotypage d'échantillons. 07/12/2018.
- 94- **Guémené, D.,** 2018. Compte-Rendu du Conseil d'Administration (Téléphonique) du SYSAAF du 16 Mai 2018. 8 p et 3 annexes. Document interne (Communication orale et Diaporama [36 Diapositives]).
- 95- **Guémené, D.** 2018. Compte-Rendu du Conseil d'Administration du SYSAAF du 13 Juin 2018. 3p et 1 annexe. Document interne.
- 96- **Guémené, D.** 2018. Procès-Verbal de l'Assemblée Générale Ordinaire du SYSAAF 13 Juin 2018. Paris (75), France. 14 p et 17 annexes. Document interne (Communication orale et Diaporama)
- 97- **Guémené, D.** 2018. Compte-Rendu du Conseil d'Administration du SYSAAF du 24 Octobre 2018. 9 p et 2 annexes. Document interne. (Communication orale et Diaporama [36 Diapositives]).
- 98- **Rouger, R.,** 2019. Développement d'un panel de marqueurs SNP pour détecter l'hybridation entre la Caille des Blés et la Caille Japonaise. Conseil d'administration d'Interprochasse. (Paris, 05/02/19)
- 99- **Rouger, R.,** 2019. Développement d'un panel de marqueurs SNP pour détecter l'hybridation entre la Caille des Blés et la Caille Japonaise. Forum Gibier & Chasse. (Paris, 01/03/19)
- 100- **Rouger, R.,** 2019. Offre de stage : Mise en évidence et étude de la composante génétique de caractères d'intérêts économiques chez la mouche soldat noir (*Hermetia illucens*).

Annexe 5 : Formations suivies par les agents du SYSAAF en 2018

(Liste non-exhaustive)

Formations externes suivies par les agents du SYSAAF en 2018

- 1 Programming and computer algorithm in Animal breeding with focus on genomic selection and Single-Step GBLUP. University of Georgia -USA, 7-25 Mai 2018, (**D'Ambrosio J., Griot R.**)
- 2 Du traitement des génotypes à la sélection génomique. Rennes, AgroCampus, 19-21 Juin 2018. (**Alnahhas N.**)
- 3 Formation à l'audit des sélectionneurs de lignées avicoles. INRA Nouzilly, 2-3 Juillet 2018. (**Blay C., Brard-Fudulea S., Desnoues B., François Y., Morvezen R., Patrice P., Renard-Dewynter F., Reverchon M., Rouger R.**)
- 4 Introduction aux modèles mixtes linéaires et non linéaires. Rennes, 10-12 Juillet 2018. (**Charrier M.**)
- 5 Séminaire de fin de projet ANR Agreenfish. Transitions alimentaires chez la truite arc-en-ciel : les caractériser et les gérer. Sizun, France. 25 Septembre 2018. (**Blay C., Bestin A.**)
- 6 Excel 2016 : Tableaux croisés dynamiques. INRA Nouzilly, 25 Septembre 2018. (**Renard-Dewynter F.**)
- 7 Génétique moléculaire : comment ça marche ? AgroCampusOuest, 11-12 Décembre 2018. (**Brard-Fudulea S.**)
- 8 *Papyrus*, formation pour les doctorants sur l'exploitation de l'information bibliographique, publication, communication des résultats. (INRA, 38hr) (**D'Ambrosio J.**)
- 9 Communication sur sa thèse : l'exposé oral et efficace (école doctorale ABIES, 24hr) (**D'Ambrosio J.**)
- 10 Initiation à la gestion de projet, conduire sa thèse comme un projet (école doctorale ABIES, 14hr) (**D'Ambrosio J.**)
- 11 Insertion professionnelle : la thèse au service de mon projet professionnel et personnel (école doctorale ABIES, 24hr) (**D'Ambrosio J.**)
- 12 Formation orale en anglais (INRA) (**D'Ambrosio J.**)
- 13 Risques incendie et manipulations des extincteurs, 10 Octobre 2018, **François Y.**
- 14 Sensibilisation au handicap, le 11 Décembre 2018, ½ journée, **François Y.**

Formations d'agents du SYSAAF dans le cadre de participations à des congrès et journées techniques en 2018

- 1 11th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. Auckland, 12-16 Février 2018. (**Brard-Fudulea S., Enez F.**)
- 2 Réunion du groupe de réflexion sélection génomique R2D2 – méta-programme. INRA SelGen Clermont-Ferrand, 15-17 Mai 2018. (**Brard-Fudulea S.**)
- 3 Colloque Annuel de la Société Française pour l'Etude du Comportement Animal. Rennes, 19-21 Juin 2018. (**Charrier M.**)
- 4 9th European Conference on Behavioral Biology. Liverpool, 9-12 August 2018. (**Charrier M.**)
- 5 AQUA 2018, World Aquaculture Society WAS. Montpellier, 25-29 Août 2018. (**Blay C., François Y., Patrice P.**)
- 6 European Poultry Conference. Dubrovnik, 17-21 Sept. 2018. (**Alnahhas N., Guémené D., Reverchon M., Rouger R.**)
- 7 Réunion du groupe de réflexion sélection génomique R2D2 – méta-programme. INRA SelGen Avignon, 7-9 Novembre 2018. (**Brard-Fudulea S.**)
- 8 Journée de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras (JRA), ITAVI, Tours, 20-21 Mars 2019. (**Alnahhas N., Brard-Fudulea S., Desnoues B., Guémené D., Renard-Dewynter F., Reverchon M., Rouger M.**)

Formations organisées en interne suivies par les agents du SYSAAF en 2018

- 1 Analyse de survie - Formation Transversalité Evaluation Génétique. 13 Mars 2018 (**Sophie Brard-Fudulea, Benoit Desnoues, Pierre Patrice, Carole Blay, Anastasia Bestin**)
- 2 Introduction au modèle animal et à l'indexation génomique. 15 Juin 2018 (Formateur : **Nabeel Alnahhas, Sophie Brard-Fudulea**)
- 3 Formation à l'utilisation de la chaîne d'indexation génomique SYSAAF, 27-29 Juin 2018 (**Anastasia Bestin, Carole Blay, Florian Enez, Pierre Patrice**)
- 4 Formation à Infaqua, Hizkia 5-9 Mars 2018 (**Carole Blay, Pierre Patrice**)

Annexe 6 : Formations et enseignements organisés et/ou assurés par les agents du SYSAAF en 2018

- 1 Tour d'horizons de la sélection avicole : Intervention en option productions animales à l'Université François-Rabelais, faculté des Sciences et Techniques, département des productions Animales (Tours, Janvier 2018, **Nabeel Alnahhas**).
- 2 Analyse de survie – réunion transversalité Evaluation Génétique - 13 mars 2018 (**Nabeel Alnahhas, Florian Enez**)
- 3 Formation à l'utilisation de la chaîne d'indexation génomique, SYSAAF, 27-29 juin 2018 (**Nabeel Alnahhas, Sophie Brard-Fudulea, Romain Morvezzen**)
- 4 Sexage perches par échographie, 24 mai 2018, SYSAAF Rennes. (**Anastasia Bestin**).
- 5 BordeauxSciencesAgro. 3^{ème} Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. Bien-être au sein des filières avicoles : De la recherche à la finalisation. 9 Oct. 2018. (**Daniel Guémené**).
- 6 BordeauxSciencesAgro. 3^{ème} Année Ingénieur - Département Nutrition-Santé et Filières Agricoles. Bien-être au sein des filières avicoles : Les systèmes d'élevage pour poules pondeuses : Le vent du changement confronté aux enseignements de l'expérimentation ? 9 Oct. 2018. (**Daniel Guémené**).
- 7 La sélection avicole, Bordeaux Sciences Agro, Spécialisation Productions Animales Durables, 31 janvier 2019 (**Sophie Brard-Fudulea**)
- 8 Better Training for Safer Food - SANCO Training [BTSF- SANCO Training In "Animal Welfare in broiler production"]. Tutorat d'une session de formation destinée aux autorités compétentes des pays européens d'une durée de 4 jours [organisées à la requête de la Commission Européenne) : Présentation orale : Welfare problems in broilers caused by the genetic factors and the resistance of stress in commercial broilers. Malmö, Suède [November 13th-16th, 2018]. (**Daniel Guémené**).
- 9 Formation à l'utilisation du logiciel InfAqua, 1-3 Avril 2019 (Formateur : **Pierre Patrice**).

Annexe 7 - Thèses en cours de réalisation et-ou soutenu par des salariés du SYSAAF en 2018

Liste :

Thèses CIFRE en cours et-ou soutenues en 2018

Clémence Fraslin (2015-2018). **Titre** : Bases génétiques de la réponse à l'infection par *Flavobacterium psychrophilum* chez la truite arc-en-ciel : approche expérimentale et perspectives en sélection. Thèse de Doctorat de l'Université Paris-Saclay. 307p. **Soutenu** le 20 Décembre 2018. [Contrat CIFRE].

Jonathan d'Ambrosio (2017-2020). **Titre** : Sélection génomique chez la truite arc-en-ciel. Encadrement par Florence Phocas et Mathilde Dupont-Nivet (INRA). **En cours**. [Contrat CIFRE].

Ronan Griot (2018-2021) Développement d'outils et méthodes de sélection génomique pour le bar et la daurade. Encadrement par Marc Vandeputte (INRA), François Allal (Ifremer) et Sophie Brard-Fudulea (SYSAAF). **En cours**. [Contrat CIFRE].

Marion Charrier (2018-2021) Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement des descendants, sa transmission épigénétique et ses conséquences adaptatives" chez la caille japonaise, et la perdrix rouge. Encadrement par Cécilia Houdelier (CNRS) et Ludovic Calandreau (INRA). **En cours**. [Contrat CIFRE].

Pierrick Haffray (-2018). Amélioration d'un programme de sélection massale sur la croissance chez la truite arc-en-ciel par introduction d'une sélection BLUP pour des caractères de qualité grâce aux empreintes génétiques. Thèse de Doctorat de l'Université Bretagne-Loire en Génétique, Génomique et Bio-informatique. 162p. **Soutenu** le 9 Novembre 2018.

Résumés :

Thèse de Clémence Fraslin (2015-2018).

Titre : Bases génétiques de la réponse à l'infection par *Flavobacterium psychrophilum* chez la truite arc-en-ciel : approche expérimentale et perspectives en sélection.

Mots clés : Truite arc-en-ciel, aquaculture, résistance aux maladies, *Flavobacterium psychrophilum*.

La santé des cheptels et la maîtrise des maladies est un enjeu majeur de compétitivité des élevages et de durabilité des filières. Les maladies d'origine bactérienne sont responsables de pertes économiques importantes en pisciculture. La bactérie *Flavobacterium psychrophilum*, qui touche l'ensemble des salmonidés et plus particulièrement la truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*), est très largement distribuée dans le monde et en France. En l'absence de vaccin commercial efficace, la maladie est jusqu'à présent systématiquement combattue à l'aide de traitements antibiotiques. Dans un contexte d'antibiorésistance croissante, il est nécessaire de trouver d'autres moyens de lutte et la sélection d'animaux naturellement plus résistants constitue une priorité pour la filière trutticole française. Si le caractère héritable de la résistance à la maladie est bien démontré chez la truite, une meilleure connaissance de ses différentes composantes et des déterminismes génétiques sous-jacents est nécessaire pour optimiser les modalités d'introduction de la résistance dans les objectifs des schémas de sélection conduits par les entreprises françaises.

Dans ce contexte, l'objectif de cette thèse est d'étudier le déterminisme génétique de différentes composantes de la réponse à l'infection par *F. psychrophilum* par une approche de cartographie de QTL (quantitative trait locus) ; puis d'évaluer dans quelle mesure ces déterminismes dépendent des protocoles infectieux utilisés pour tester la résistance.

Pour ce faire, nous avons combiné les résultats obtenus avec des infections expérimentales par injection et balnéation et une infection naturelle. En utilisant, d'une part des croisements expérimentaux entre lignées isogéniques à la résistance contrastée et d'autre part, avec une lignée commerciale élevée dans une entreprise de sélection française.

Nous mettons en évidence que la réponse de la truite arc-en-ciel à l'infection par *F. psychrophilum* est un caractère complexe, contrôlé par un grand nombre de QTL d'effet modéré et en interaction. Nos résultats suggèrent également que les différentes composantes de la réponse à l'infection (résistance, endurance, résilience, portage) sont en partie contrôlées par des déterminants génétiques différents, et que certains mécanismes de défense contre l'infection par *F. psychrophilum* dépendent de la voie d'infection (infection par balnéation ou par injection). Cette étude ouvre la voie à une meilleure compréhension des mécanismes immunitaires sous-jacents à la réponse de la truite arc-en-ciel à l'infection par *F. psychrophilum*, et constitue une première étape vers la mise en place de la sélection génomique pour la résistance à *F. psychrophilum* dans les populations de truites françaises.

Thèse de Jonathan D'Ambrosio (2017-2020).

Titre : Sélection génomique chez la truite-à-ciel.

La sélection génomique (SG) permet d'estimer des valeurs reproductives des individus à partir de leurs génomes par rapport à une population de référence établie avec la performance et le génotype de milliers d'individus. La sélection génomique permet de choisir des traits impossibles ou coûteux à mesurer sur les candidats à la sélection. La sélection génomique a été mise en place avec succès sur le bétail et d'autres animaux terrestres au cours de la dernière décennie.

L'accès récent à la séquence du génome, aux cartes génétiques et à une puce de génotypage à haut-débits de 57 000 SNP, peut permettre de modifier l'organisation des programmes de sélection trutticole. Pour implémenter la SG, le projet (SG-Truite) dirigé par le Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français en collaboration avec des sélectionneurs trutticoles et l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA). L'objectif de cette thèse est de proposer des outils et des méthodes de SG techniquement et économiquement fiables pour les programmes français en sélection chez la truite arc-en-ciel sur tous les traits déterminants chez le poisson (taux de croissance, rendement du filet, reproduction, résistance aux maladies).

Thèse de Ronan Griot (2018-2021).

Titre : Développement d'outils et de méthodes de sélection génomique pour le bar et la daurade.

Depuis sa théorisation au début des années 2000, la sélection génomique a prouvé son efficacité chez de nombreuses espèces. En aquaculture, elle est utilisée principalement chez le saumon. Face à l'expansion de l'aquaculture en Europe et dans le monde, le besoin d'avoir des animaux productifs et résilients devient une nécessité pour fournir la demande croissante en produits aquacoles. Parmi ces produits, le bar et la daurade sont des espèces majeures de l'aquaculture méditerranéenne. Ces deux espèces sont sujettes, comme la totalité des espèces d'élevage, à des pathologies causant une mortalité importante dans les élevages. Afin de préserver la santé des poissons, diminuer la consommation d'antibiotiques et augmenter la durabilité de la filière, la sélection génomique s'impose comme la méthode potentiellement la plus performante pour améliorer la résistance aux maladies. En s'appuyant sur le développement d'une puce 57K SNP chez le bar et la daurade, ainsi que sur des phénotypes de résistances aux pathogènes majeurs (nodavirose et vibriose chez le bar, pasteurellose chez la daurade), l'implémentation de la sélection génomique pour l'amélioration de la résistance aux maladies chez le bar et la daurade sera étudiée au cours des trois années de thèse. Plusieurs objectifs devront être réalisés :

- L'étude de l'architecture génétique des différents caractères (nombre de QTLs, leur position, effet, significativité),
- Le développement de modèles d'évaluation génomique et leur efficacité,
- Le développement d'une stratégie globale de génotypage et de réduction des coûts (nombre d'individus à génotyper et phénotyper, nombre de SNP, taille de la population d'entraînement),
- Le développement d'une méthode d'assignation efficace en contexte aquacole.

Thèse de Marion Charrier (2018-2021).

Titre : Rôle des influences maternelles prénatales sur le développement des descendants, sa transmission épigénétiques et ses conséquences adaptatives.

Les populations de gibiers sauvages en France sont pour certaines en déclin et le maintien et la gestion de ces espèces souvent emblématiques deviennent aujourd'hui des enjeux majeurs. Afin de pallier à cette diminution des populations, des lâchers de gibiers d'élevage sont effectués chaque année que ce soit pour répondre à des objectifs cynégétiques ou à des objectifs de conservation. Cependant, en milieu naturel, la survie et les capacités de reproduction de ces animaux restent faibles. Le but de ma thèse est donc de trouver des leviers permettant d'améliorer à long terme la survie de ces oiseaux. Nous nous intéressons pour cela aux influences maternelles prénatales, dont les effets sur le développement comportemental des jeunes ont largement été démontrés, notamment grâce aux études réalisées en éthologie. Dans une première partie, partie préliminaire, nous nous intéresserons à la caille japonaise et aux influences de différentes conditions de vie maternelle (stressantes, complexes-variables) sur le développement de plusieurs générations de descendants (effets maternels à long terme). Nous caractériserons alors l'impact de ces traitements prénatals sur le développement comportemental des jeunes (comportements ayant un rôle adaptatif : réactivité émotionnelle et capacités d'apprentissage). Nous chercherons également à identifier ici des corrélats physiologiques (corticotérostérol plasmatique, composition hormonale des œufs) et neurobiologiques (mécanismes épigénétiques). Dans une seconde partie, nous mettrons en application les études préalablement réalisées chez

la caille japonaise, afin d'améliorer les capacités d'adaptation des descendants d'une autre espèce de phasianidés, la perdrix rouge.

Thèse de Pierrick Haffray (*soutenue le 9 décembre 2018*).

Titre : Introduction d'une sélection sur apparentés en sélection massale chez la truite arc-en-ciel, *Oncorhynchus mykiss*.

Mots clés : *Oncorhynchus mykiss*, Sélection sur apparentés, Empreintes génétiques, Rendements, Echographie, précision des valeurs génétiques, biais, pré-sélection.

Cette thèse précise les conditions pour introduire une sélection sur apparentés de caractères de qualité (rendements à l'étêtage ou à l'éviscération ou au filetage et couleur ou adiposité de la chair) assistée par empreintes génétiques dans un programme de sélection massale sur la croissance. Les objectifs sont : (1) de quantifier l'importance de l'effet maternel non génétique « tailles des œufs » sur l'héritabilité de la croissance, (2) d'estimer les paramètres génétiques des caractères de qualité à taille commerciale (1,6 kg), (3) de développer des prédicteurs indirects de mesure non légal par vision numérique et ultrasons pour prédire les rendements de découpe, (4) d'estimer la précision des valeurs génétiques dans un plan de croisement factoriel avec effectifs par familles variables et non contrôlés et (5) d'estimer l'efficacité (biais et précision) d'une estimation de valeurs génétiques à partir de collatéraux pré-sélectionnés sur la croissance de façon massale de type PROSPER. Ce travail confirme l'intérêt à maîtriser l'effet maternel avec un doublement de l'héritabilité du poids à 70 g (0,36 vs 0,16), des estimations d'héritabilités des caractères mesurés de valeurs intermédiaires (0,37-0,54), l'intérêt d'utiliser la résiduelle des parties mesurées régressées linéairement au poids vif pour une sélection indépendante du poids pour les rendements, l'intérêt à remplacer la mesure du rendement au filetage par celle du rendement en carcasse éviscérée-étêtée plus héritable et très corrélée au rendement au filetage (0,97), la corrélation génétique élevée entre les rendements avec le ratio échographique e8/e23 (0,72-0,85) permettant une sélection sur candidats plus efficace qu'une sélection sur apparenté sur le rendement lui-même, des précisions élevées des valeurs génétiques (0,63–0,82) malgré très peu d'individus par famille (3,5-4) et une efficacité surestimée d'une sélection sur apparentés pré-sélectionnés (de 14 % à 62 %). Les conclusions sont qu'il est possible d'introduire une sélection sur apparentés dans un programme de sélection massale avec des gains génétiques au moins équivalents à ceux attendus en sélection familiale classique avec familles élevées initialement de façon séparées.

Annexe 8 : Analyse de ploïdie par cytométrie de flux.

Analyse de ploïdie par cytométrie de flux.

Ce service pris en charge par l'ensemble des agents du secteur aquacole du site de Rennes permet aux adhérents de contrôler le niveau de ploïdie de leurs lots de production (triploïdie pour garantir la stérilité des lots).

Trois entreprises ont sollicité ce service de contrôle de ploïdie (Figure 3), contre quatre l'année passée. De l'ordre de 5460 individus ont été testés en 2018, représentant 179 heures de travail cumulé (Figure 1). Des analyses sont programmées tout au long de l'année (Figure 2). Les échantillons analysés restent majoritairement des alevins (70% des analyses contre 94% en 2017), le reste des analyses provenant de la dissection d'œufs (30%). La diversité des espèces analysées se réduit à 2 espèces de salmonidés : la truite arc-en-ciel (99% des analyses) et la truite fario (1%).

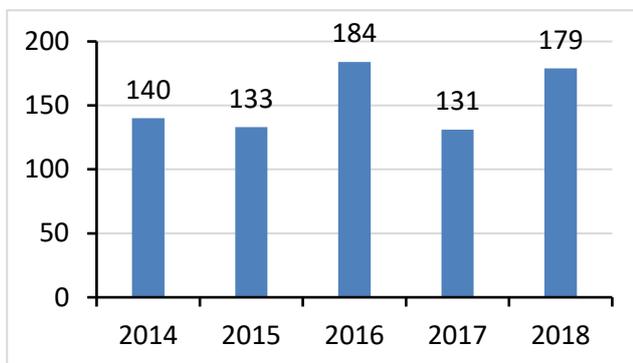


Figure 1 : Nombre d'heures d'analyses par année

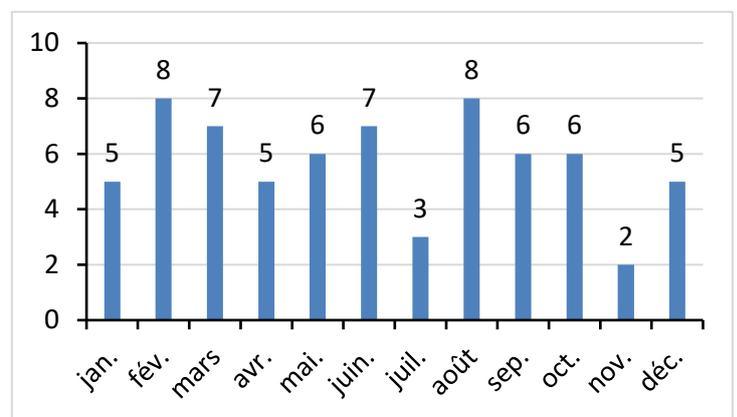


Figure 2 : nombre de sessions de cytométrie par mois

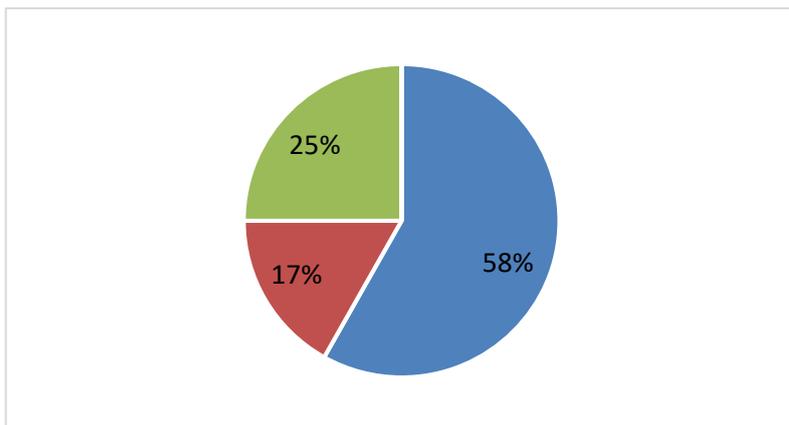


Figure 3 : Volume d'analyses par adhérent.

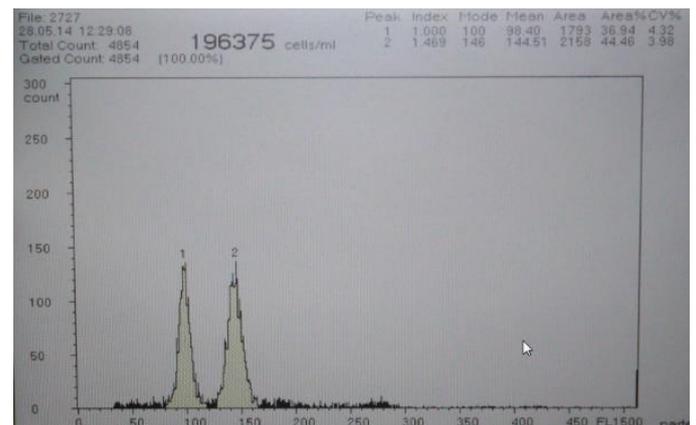


Figure 4 : Affichage du cytomètre de flux montrant deux pics attestant la présence d'animaux diploïdes et triploïdes dans l'échantillon analysé.

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

Créée en partenariat avec l'ANSES, unité PVP de Plouzané (29), la plate-forme est un des premiers outils européens dédié au phénotypage de poissons d'élevages pour leur résistance aux maladies dans un objectif de contribuer à l'amélioration de la santé des poissons d'élevage. Elle mutualise les compétences des agents de l'ANSES et de ceux du SYSAAF afin de proposer des épreuves infectieuses contrôlées sur apparentés pour plusieurs importantes maladies en partenariat avec différentes entreprises de sélection. Cette activité s'inscrit dans une démarche durable contribuant à la réduction des intrants en aquaculture, à limiter la résistance des poissons aux antibiotiques, à améliorer la qualité sanitaire des produits aquacoles et le bien-être des animaux élevés.

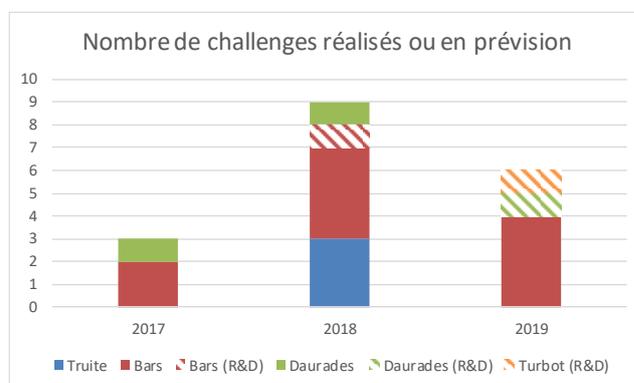


L'activité de la plate-forme est encadrée par une convention de collaboration entre ANSES SYSAAF mettant à disposition les installations de l'unité PVP de l'ANSES et du personnel SYSAAF. Des accords de consortium ont par ailleurs été signés entre le SYSAAF et ses adhérents utilisateurs pour garantir le bon fonctionnement de la plate-forme. Les installations de l'ANSES sont agréées pour l'utilisation d'animaux en expérimentations. Elles peuvent accueillir un grand nombre de juvéniles et permettent de moduler différents paramètres d'élevage (type d'eau, température, débit, taille des poissons...).

Actuellement 6 couples hôtes pathogènes peuvent être challengés sur fonds privés ou au sein de projets de R&D. De 1200 à 2000 individus sont testés lors d'un challenge sur une durée pouvant aller de 2 à 6 semaines. A chaque challenge, les données sont enregistrées sur Infaqua, l'ADN des individus est collecté pour permettre les assignations de parenté et l'estimation des paramètres génétiques du caractère « résistance à la maladie ».

Un projet d'investissement a été élaboré en partenariat avec l'ANSES, et une demande de financement transmise par l'ANSES à la Région Bretagne dans le cadre du FEAMP. Ce projet permettra de renforcer le dispositif avec l'aménagement d'une nouvelle salle expérimentale dédiée aux activités de la plate-forme et une mise à niveau des installations.

	Truite Arc-En-Ciel • vSHV • vNPI
	Bar • VNN (VER) • Vibrio Harveyi
	Daurade • Photobacterium Damselae subsp. piscicida
	Turbot • Edwardsiella tarda



Annexe 10 : Liste des Activités de Gestion Administratives et Financières.

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

Secrétariat de Direction

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

Gestion Comptable

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

Gestion financière

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

Gestion analytique

- Budgets prévisionnels (RR).

Gestion Fiscale

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

Gestion administrative

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

Gestion des ressources humaines

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

Veille juridique

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

- **AGENAVI** : Conseil d'Administration - **D. Guémené**,
- **Anses** : Comité d'Orientation Thématique (COT) - **D. Guémené**,
- **CIP** : Conseil d'Administration - **D. Guémené**,
- **CIFOG** : Commission Scientifique, Club des Amoureux du Foie Gras - **D. Guémené**,
- **CNAG** : Commission Nationale d'Amélioration Génétique
 - o Membres du comité consultatif pour l'espèce porcine, les lapins, les volailles et les espèces élevées dans des exploitations aquacoles :
 - **M. Blanchet**,
 - **D. Guémené**,
 - **E. Mazeiraud**,
 - **B. du Mesnildot**,
 - **L. Salles**,
 - o Membres de la commission permanente restreinte inter-espèce de la CNAG
 - **D. Guémené**,
 - **E. Mazeiraud**.
 - o Membres de la commission scientifique de la CNAG
 - **D. Guémené**,
- **CSNPFG** : Membre – **D. Guémené**,
- **EFFAB** : Membre – **D. Guémené & P. Haffray**,
- **FRB** : Comité d'Orientation Stratégique (COS) - **D. Guémené**,
- **GIS Cryobanque Nationale** : Conseil de Groupement - **A. Bailliard**, puis **M. Reverchon**
- **GIS Avenir-Elevage** : Directoire opérationnel - **D. Guémené** (Suppléante : S. Brard Fudulea) & Comité Stratégique- **S. Brard Fudulea** (Suppléant : N. Alnahhas)
- **GIS Pisciculture-Demain** : Comité Stratégique - **D. Guémené** & Comité Scientifique - **P. Haffray**,
- **ITAVI** : Conseil Scientifique - **D. Guémené**,
- **SNA** : Commission Bien-être - **D. Guémené**,
- **JRFP** : Comité d'organisation - **P. Haffray**.
- **WPSA (Branche Française)** : Conseil d'Administration - **D. Guémené**,
- **WPSA (Branche Européenne) - Groupe 3 (Poultry Genetic)** : CA - **D. Guémené**,
- **WPSA (Branche Européenne) - Groupe 9 (Poultry Welfare & Management)**: CA - **D. Guémené**,
- **EPGS (XIth European Poultry Symposium in Genetic), Congrès, Oct 2019, Prague**. Organisation : **Groupe 3** de la Branche Européenne de la **WPSA (Poultry Genetic)** : Comité Scientifique - **D. Guémené**,
- **XIth European Poultry Welfare and Management Meeting, Congrès, 2021, Prague**. Organisation : **Groupe 9 (Poultry Welfare & Management)** de la Branche Européenne de la **WPSA** : Comité Scientifique - **D. Guémené**,
- **WPC 2020 (World Poultry Congress), Congrès 2020, Paris**. Organisation : **Branche Française de la WPSA** : Comité d'organisation et Comité Scientifique - **D. Guémené**,

Annexe 13 : Ordre du Jour de l'Assemblée Générale Ordinaire du SYSAAF 2018

8h30 : Assemblée Générale Ordinaire (Mercredi 13 Juin 2018)

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

- Rapport d'activité 2017, illustré au travers de faits marquants,
- Élection pour le renouvellement des administrateurs,
- Rapport financier :
 - Présentation des Comptes 2017,
 - Rapport du Commissaire aux Comptes,
 - Approbation des Comptes 2017,
 - Quitus au Trésorier,
 - Affectation du résultat,
 - Proposition et adoption du montant des cotisations et des prestations 2018,
 - Présentation et adoption du Budget Prévisionnel 2018,
- Questions diverses.

10h00 : Pause-café au restaurant Les Belles Plantes

10h30 : Thèmes d'actualité :

- De nouvelles compétences au SYSAAF : Présentations en 180 secondes...
 - Nouveaux salariés SYSAAF ...
 - Thésards CIFRE SYSAAF : Ma thèse en 180 secondes...
 - CDD externes financés sur des programmes R&D portés par le SYSAAF,
- La génomique au SYSAAF : Où en sommes-nous 3 ans après la journée Technique 2015 ?
- Une charte de déontologie pour le SYSAAF et ses adhérents,

12h30 : Clôture de l'Assemblée Générale Ordinaire

12h45 : Conseil d'Administration

Programme du Mardi 12 juin 2018 : Jardin des Plantes, 57 rue Cuvier 75005 Paris

14h00 : Rendez-vous à l'entrée principale du Zoo du jardin des Plantes

14h30 : Visite de la ménagerie « Le Zoo du Jardin des Plantes » présentée par Michel Saint-Jalme (Directeur du Zoo du Jardin des Plantes, chercheur au Museum National d'Histoire Naturelle).

20h00 : Rendez-vous, Port de la Conférence, 75008 Paris, pour le dîner croisière sur la Seine avec la Compagnie des Bateaux Mouches.

Annexe 14 : Glossaire

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

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

