



Rapport d'activité

2025



Rapport d'activité 2025 consultable sur sysaaf.fr/les-publications-et-communications-scientifiques

2^{ème} partie : Travaux et résultats obtenus pour l'activité R&D

Les adhérents du SYSAAF au 1^{er} janvier 2026 : 31 sélectionneurs et 4 gestionnaires de population



Introduction	6
1. AE1 Gestion de la biodiversité pour soutenir la diversification des productions avicoles, aquacoles et entomocoques.	7
<i>1.1. Maintien de la diversité d'espèces de races et de lignées domestiqués, gérées ou sélectionnées en France</i>	7
1.1.1. Aide à la conservation d'une agro bio diversité in situ	7
1.1.1.1 Mise au point de méthodologies pour la conservation des races locales de volailles françaises [RESIGEN France2030]	8
1.1.1.2. Mise en place d'un schéma de conservation <i>in situ</i> chez la poule Noire de Challans [GEroNIMO H2020]	10
1.1.1.3. Races locales et génomique du paysage : une combinaison puissante pour détecter les gènes adaptatifs [GEroNIMO H2020]	12
1.1.2. Aide à la sauvegarde de l'agro biodiversité <i>ex situ</i>	15
1.1.2.1. Développement d'un dilueur pour conserver la semence aviaire fraîche pendant 24 h [RESIGEN France 2030]	15
1.1.2.2. Cryoconservation de la semence de coqs de lignées pures [CASDAR]	17
1.1.2.3. Mise au point et validation d'un protocole de cryopréservation de la semence aviaire [Palmigel CIFOG]	17
1.1.2.4 Conservation courte durée au frais de spermatophores de crevette bleue [DRM]	19
1.1.2.5 Cryoconservation longue durée de spermatophores de crevette bleue [DRM]	21
1-1-2-6 Gestion et amélioration des services de la cryobanque des espèces aquacoles CryoAqua en 2025 [dont CASDAR]	23
1.1.2.7. Les cellules germinales primordiales PGCs, un outil pour la conservation du patrimoine génétique chez le faisan commun [RESIGEN France2030]	26
1.1.2.8. Création de lignées cellulaire de PGCs de différentes souches de Gallus gallus marquées avec un fluorochrome [RESIGEN France2030]	27
1.1.2.9. Mise au point d'un protocole de cryopréservation des PGCs [CryoStore, MSCA]	29
1.1.2.10. Restauration de la lignées X33 à partir de trois génotypes hôtes différents [CryoStore MSCA]	31
<i>1.2. La gestion de la diversité intra race ou intra lignée</i>	32
1.2.1. Mise en place de panel d'assignation ou d'outils génomiques pour la gestion des lignées et races	32
1.2.1.1 Gestion de la diversité génétique des populations sauvages et captives d'Outarde canepetière [GenOut Fond Vert]	32
1.2.1.2. Développement d'une méthode moléculaire de certification des lignées Label Rouge de poulets de chair [INTAQT H2020]	34
1.2.2. Méthode de gestion et sélection optimisée adaptée aux espèces, races et lignées de faible effectif – Evolution et maîtrise de la diversité génétique intra races ou lignées	36
1.2.2.1. Compréhension des mécanismes de sélection sexuelle par une étude d'assignation de parenté chez la mouche soldat noire, <i>Hermetia illucens</i> . [BioSexFly Région Centre Val de Loire]	36
1.2.2.2. Optimisation des méthodes de gestion des populations de chrysopes, <i>Chrysoperla lucasina</i> [CONFIDENTIEL]	38
1.2.2.3. Détermination de l'origine des saumons Atlantique en montaison sur le bassin Garonne-Dordogne en 2024 [CASDAR]	40
1.2.2.4. Optimisation des plans de croisements chez le bar maximisant la diversité [SEPIAA France 2030]	42
1.2.2.5. Approches de la diversité génétique et de sa mesure intra-population [Programme GIS Avenir-Elevages - CASDAR]	45
AE 2 : Etude de phénotypes à objectif « agroécologique » pour leur implémentation dans les programmes de sélection dans un contexte de changement climatique	47
<i>2.1 Approche phénotypique (essais zootechnique, mesures de phénotypes...)</i>	48
2.1.1 : Optimisation de protocole de challenge infectieux pour évaluer la résistance de bar à la vibriose [CASDAR]	48

2.1.2. Etude du comportement de la perdrix en fonction de modifications des conditions d'incubation [CASDAR]	49
2.1.3. Recherche de prédicteurs précoces du picage en poule pondeuse [CASDAR]	51
2.1.4. Développement d'un outil immergé d'estimation et de suivi de la croissance des poissons [SEPIAA France 2030]	53
2.1.5. Développement d'un protocole de mesure de l'efficacité alimentaire individuel chez le bar [SEPIAA]	54
2.1.6. Développement et test d'une machine de prédiction des rendements de filets chez la truite [SEPIAA]	56
2.2. Approche génétique	58
2.2.1. Estimation de corrélation génétiques entre les poids à 8 et 18 semaines dans une lignée de poulet de Bresse [CASDAR]	58
2.2.2. Investigations des performances de production d'œufs chez la truite, avec ou sans stimulation hormonale [CASDAR]	59
2.2.3. Estimation des corrélations génétiques du poids intra-cohorte à différents stades de croissance d'une lignée de poissons [CASDAR]	61
2.2.4. Paramètre génétique GxE sur la croissance et les caractères d'usine en sélection poisson [CASDAR]	62
2.2.5. Paramètres génétiques sur la survie des alevins chez un sélectionneur poisson [CASDAR]	63
2.2.6. Estimation de paramètres génétiques sur deux caractères d'intérêt d'une lignée sélectionnée de mouche soldat noire, <i>Hermetia illucens</i>	65
2.2.7. Indexation génétique pour 2 populations abeilles (miel et gelée royale) [CASDAR ITSAP]	68
2.2.8. YnFABRE: réponse génétique des populations de ténébrions (<i>Tenebrio molitor</i>) après deux ans de sélection [YNSECT BPI France]	69
2.2.9. Paramètres génétiques de la production de gelée royale et effet du nombre de lattes [CASDAR Abeille ITSAP]	71
2.2.10. Estimation des paramètres génétiques de la quantité de muscle rouge chez la truite arc-en-ciel mesurée par IA sur images échographiques [CASDAR]	74
2.2.11. Evaluation de la résistance de truites à la Nécrose pancréatique Infectieuse [LactoTruite FEAMPA Région Bretagne]	76
2.2.12. Analyse des déterminants phénotypiques et génétiques de la résilience de la truite arc-en-ciel face au stress thermique chronique estival en pisciculture [HyperSelect FEAMPA]	77
2.2.13. Analyse de la résilience, de la croissance et de la survie lors d'un challenge hyperthermique chronique sur des truites arc-en-ciel. [HyperSelect FEAMPA]	80
2.2.14. Estimation des paramètres génétiques de la survie au champ sur une année complète chez l'huitre creuse (<i>Cassostrea gigas</i>) [ShellFishBoost UE-SBEP]	81
3. AE3 : Ingénierie génétique pour le maintien de la compétitivité des acteurs de la filière	84
3.1. Optimiser les schémas de sélection (efficacité/coût) par l'apport des meilleures technologies disponibles (simulation - génomique - modèles et informatique)	84
3.1.1 : Analyse d'un schéma de sélection abeille [Casdar ITSAP]	85
3.1.2: Développement de simulateurs de schéma de sélection avicole : benchmarking et développement pour la perdrix [RESIGEN – France2030]	86
3.1.3 Développement d'une méthode de calibration pour le paramétrage de simulateurs de schémas de sélection [RESIGEN – France2030]	89
3.1.4 Optimisation du ratio « nombre d'individus candidats/nombre d'individus phénotypés » à coût de génotypage constant [SEPIAA France2030]	91
3.1.5 Effet de la réduction du nombre de challenge en condition contrôlé sur le gain génétique [SEPIAA France2030]	93
Evolution génétique du caractère de résistance au cours du temps pour les différents scénarios	95
3.1.6 Développement d'un panel 1K chez l'Huitre creuse pour l'AgriSeq pour un fonctionnement sur trois populations différentes [GoodVibe]	96
3.1.7 Mise à jour des panels 1K chez la truite arc-en-ciel [HyperSelect FEAMPA]	99
3.1.8 Evaluation de l'impact des erreurs de génotypage, des pertes de génotype et de l'utilisation de remplaçant sur le gain génétique d'un caractère mesuré sur lot dérivé [SEPIAA France2030]	101
3.1.9 Design d'une puce Haute-Densité huitre pour l'huitre creuse <i>Crassostrea gigas</i> [ShellFishBoost – UE SBEP]	104
3.1.10 Démarche de renouvellement du serveur de production et du serveur de secours [CASDAR]	106
3.1.11 Etudes sur la convergence des outils avicoles et aquacoles [dont CASDAR]	108

3.1.12 Accueil des données pigeons dans la base SYSAAF [CASDAR]	110
3.1.13 Intégration des lapins en BDD et développement d'un rapport post-indexation [CASDAR]	111
3.1.14 Développement d'une chaîne de traitement automatisée pour les assignations de parenté et la préparation des données génomiques de multiples espèces aquacoles [dont CASDAR]	113
3.1.15 Comparaison d'évaluations génomiques ssGBLUP et IP (Indirect Prediction) pour un gain en efficacité des indexations génomiques [CASDAR]	115
3.1.16 Evolution des algorithmes de choix génétiques utilisés au SYSAAF [Maât – AGENAVI]	116
3.1.17 Comparaison de différents algorithmes d'IA pour la détection d'interactions entre QTL [SEPIAA France 2030]	118
<i>3.2 Intégrer les nouveaux caractères, adaptés aux changements agroécologiques et aux attentes sociétales, dans les travaux de sélection</i>	119
3.2.1 Optimisation de la méthode de sélection pour des caractères de résistance avec mortalité au champ chez les mollusques et chez les poissons [SEPIAA France2030]	120
3.2.2 Estimation de la variabilité génomique de la survie au 2ème été et des phénotypes de conformité morphologique chez l'huitre creuse	123
3.2.3 Investigation de l'impact des performances de production d'œufs sur la survie de la truite jusqu'à sa deuxième ponte [CASDAR]	125
3.2.4 Mise en place d'évaluations sur la longévité en filière avicole [CASDAR]	126

Introduction

La structuration des actions Recherche et Développement (R&D) du SYSAAF suit le cadre défini dans le programme génétique déposé au CASDAR (Compte D'Affectation Spéciale Développement Agricole et Rural) en 2021 au titre du Plan National de Développement Agricole et Rural (PNDAR) 2022-2027. Ainsi l'activité R&D s'organise autour de 3 grands axes (voir ci-après). Pour les espèces avicoles et piscicoles, le programme CASDAR a d'ailleurs fait l'objet en 2025 d'une évaluation dite de mi-parcours par le COST (Conseil d'Orientation Scientifique et Technique) de l'ACTA (Association de Coordination Technique Agricole). Il n'y a pas eu à ce titre de propositions de modifications des grands axes de travail du SYSAAF et au final le programme « *apparaît solide, bien structuré et mené avec sérieux* » (Courrier du 8 avril 2026, Direction Générale de la Performance Economique et environnementale des entreprises).

Au-delà du CASDAR, le programme R&D du SYSAAF rejoint également des attentes exprimées notamment dans le Cluster 6 « Alimentation, bioéconomie, ressources naturelles, agriculture et environnement » du pilier II d'Horizon Europe (le nouveau programme européen adopté en 2021), les thématiques des appels à projets du FEAMPA (Fonds Européen pour les Affaires Maritimes, la Pêche et l'Aquaculture), et bien sûr directement l'expression des besoins des entreprises adhérentes du SYSAAF.

Et comme pour les années précédentes, l'année 2025 s'inscrit totalement dans un contexte pluriannuel. Le programme poursuit donc son ambition de **soutien à la grande diversité des espèces, des races et lignées sélectionnées ou en cours de domestication en France** pour ses trois secteurs d'intérêt, les secteurs avicole, aquacole et entomocole. Ce soutien s'inscrit **dans le contexte d'une transition agroécologique** forte nécessitant **le maintien de la compétitivité** en intégrant de nouveaux objectifs de sélection ou de nouvelles modalités de conduite des schémas.

Dans ce contexte, le SYSAAF déploie donc son action R&D en 3 grands axes (dénommés ici Actions Élémentaires (AE)) :

-La gestion de la biodiversité pour soutenir la diversification des productions avicoles, aquacoles et entomocoles (AE1),

-L'étude de phénotypes à objectif « agroécologique » pour leur implémentation dans les programmes de sélection dans un contexte de changement climatique (AE2),

-Le développement d'une ingénierie génétique adaptée au maintien de la compétitivité des acteurs des filières (AE3).

Ce rapport annuel dédié aux activités R&D résume **les travaux réalisés spécifiquement en 2025** par les équipes du SYSAAF, dans le cadre d'actions menées avec les adhérents, seul ou en partenariat avec d'autres acteurs de la recherche ou du développement, en France ou en Europe.

Ils entrent pour une très large part dans le cadre de la R&D du programme CASDAR génétique (pour les espèces concernées, avicoles et piscicoles), de programmes régionaux, interprofessionnels, de programmes nationaux FEAMPA ou Carnot F2E, de programmes européens H2020 ou Horizon Europe. Quelques autres travaux R&D confidentiels à l'heure de l'écriture de ce rapport ne sont présentés que de façon partielle ou anonymisée.

1. AE1 Gestion de la biodiversité pour soutenir la diversification des productions avicoles, aquacoles et entomocoles.

L'objectif général de cet axe de R&D est principalement **de soutenir par la recherche** les espèces et races ou lignées à faible diffusion commerciale ou exploitées dans un objectif de diversification en comparaison aux productions standards. La France est un des pays au monde qui compte le plus d'espèces et de races en sélection ou en gestion génétique aboutissant à une très large proposition de produits allant de produits de qualité assez standard mais peu répandus ailleurs dans le monde à des productions de très haute qualité et de niche. Les projets de **R&D autour du maintien et du développement de ce patrimoine** sont donc essentiels dans le contexte actuel de perte de diversité génétique et de changement climatique.

Cet objectif est décliné selon deux tâches, d'une part une première tâche visant à développer des actions permettant de **sécuriser l'agro biodiversité existante ou en cours de développement** sur certaines espèces, d'autre part une deuxième tâche visant à **préserver la variabilité intra race**, pour garantir un maintien à long terme de ces races ou lignées, en fonction des contextes de production (conditions d'élevage en sélection) d'aujourd'hui et de demain et des effectifs détenus.

Concrètement, ces différentes tâches se traduisent par la recherche de **solutions optimisées pour la gestion des populations *in situ***, en particulier pour accompagner l'exploitation et le suivi d'espèces emblématiques à l'interface entre espèces sauvages et domestiques (*e.g.* saumon, caille et perdrix), et d'améliorer toutes les actions autour de la cryopréservation (*i.e.* gestion *ex situ*) des espèces. Ces dernières méthodes sont en effet encore loin d'être disponibles ou optimisées pour toutes les espèces aviaires, aquacoles ou entomocoles.

Le **développement d'outils à l'échelle moléculaire** (panels de marqueurs) est également une voie de travail majeure depuis quelques années pour accompagner la domestication de nouvelles espèces (comme les esturgeons, le bar, la daurade, le turbot, le maigre, la perche, l'huitre perlière, la mouche soldat noire, le ténébrion meunier...) et la gestion de leur diversité ; c'est aussi une voie majeure pour des espèces sélectionnées depuis de nombreuses années, les espèces aviaires en particulier, mais dont les conditions de sélection vont devoir changer (*e.g.* abandon de la cage en sélection), les panels de marqueurs étant alors une des options possibles pour permettre de conserver des méthodes de sélection généalogiques.

Enfin, **l'optimisation des plans d'accouplements et des choix de reproducteurs** pour maîtriser intra race la variabilité tout en maintenant des niveaux et des qualités de production en accord avec celles des produits finis proposés, en recherchant des solutions adaptées aux productions à faible diffusion, intégrant ou non les avancées apportées par les panels de marqueurs, est un axe de travail R&D essentiel pour maintenir *in situ* l'agro biodiversité des races aujourd'hui exploitées.

Cette thématique « agro biodiversité » se décline donc à différent niveau entre espèces, entre races et lignées, et intra race ou lignée. Les actions menées en 2025 sont reprises selon les deux chapitres suivants :

- le maintien de la diversité d'espèces, de races et de lignées,
- la gestion de la diversité intra race ou intra lignée.

1.1. Maintien de la diversité d'espèces de races et de lignées domestiqués, gérées ou sélectionnés en France

1.1.1. Aide à la conservation d'une agro bio diversité *in situ*

Ce chapitre regroupe tous les travaux permettant d'apporter des outils ou des résultats essentiels au maintien des différentes espèces, races, lignées, croisement terminaux, fabriqués et élevés en France et qui composent la biodiversité agricole de notre pays. Pour atteindre cet objectif, en 2025, l'action du SYSAAF s'est concentrée sur la production d'outils et méthodes de gestion de la variabilité raciale *in situ* et sur la caractérisation de la diversité génétique des poules de races locales par l'exploitation de nouvelles méthodes dite de génomique du paysage pour associer la diversité génétique de races de poule à la variabilité climatique des régions d'élevage.

1.1.1.1 Mise au point de méthodologies pour la conservation des races locales de volailles françaises [RESIGEN France2030]

Ce projet vise à proposer aux collectifs et éleveurs en charge de la conservation des races locales de volailles un accompagnement technique de soutien aboutissant à une gestion sécurisée de la variabilité génétique.

État de l'art :

En France, 76 races locales de volailles sont considérées comme menacées d'abandon pour l'agriculture (INRAE, 2023). La majorité de ces populations est maintenue soit par des éleveurs amateurs, dont l'objectif principal est la préservation du standard de race, soit par des éleveurs professionnels cherchant à valoriser auprès de leur clientèle un produit différencié et à forte identité territoriale. Dans les deux cas, la gestion et le suivi génétique des effectifs sont réalisés *in situ*, le plus souvent de manière décentralisée, plusieurs éleveurs assurant collectivement le renouvellement et la pérennité du cheptel global.

À ce jour, aucune traçabilité pérenne et harmonisée des animaux issus de ces races locales n'est réellement déployée sur le terrain. Par ailleurs, la communauté des éleveurs demeure relativement éloignée des réseaux académiques et techniques spécialisés en aviculture, qui pourraient pourtant leur apporter un appui méthodologique et scientifique. Enfin, la conservation de ces ressources génétiques est fréquemment perçue comme une activité coûteuse et insuffisamment rentable (Rouger *et al.*, 2026).

Dans ce contexte, l'enjeu est de proposer aux éleveurs les bases d'un système structuré de traçabilité et d'accompagnement technique, afin de sécuriser la gestion génétique des populations, de renforcer les liens avec les acteurs scientifiques et de contribuer à la durabilité économique et biologique de ces races locales.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

La coordination d'acteurs associatifs, peu familiers du fonctionnement classique des projets de recherche, constitue un défi qu'il ne faut pas sous-estimer. Le projet propose en effet plusieurs nouveautés : mise en place d'un système de certification, suivi moléculaire des pedigrees, offre de formation et création d'une plateforme web de soutien. Ces évolutions devront être clairement expliquées et discutées, car elles s'adressent à une communauté parfois éloignée de ces approches scientifiques et numériques. Un effort de pédagogie et d'accompagnement sera donc indispensable pour favoriser leur compréhension et leur appropriation.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les premières phases du projet ont débuté en 2025 :

- Recensement des collectifs, éleveurs et animaux : Un système structuré de recensement a été mis en place : les collectifs sont identifiés, puis leurs éleveurs, et enfin leurs animaux. Un formulaire web dédié au recensement des éleveurs a été créé. Les premiers numéros d'identification des éleveurs seront attribués au début de l'année 2026. Une base de données spécifiquement dédiée à l'accueil de ces informations est en cours de construction au SYSAAF.

- Construction de pedigree sur la base de marqueurs moléculaires : Les premiers prélèvements sanguins ont été effectués en Noire de Challans et en Gélina de Touraine. Ils devront être complétés en début d'année 2026 par quelques prélèvements additionnels au sein de ces deux races ainsi que de prélèvements au sein de la race Marans.
- Identification des besoins en formation : Un travail de recueil des besoins a été conduit au sein du consortium afin d'établir une première liste pertinente de thématiques. Cette shortlist a ensuite été transformée en questionnaire en ligne et diffusée auprès des éleveurs de races locales. L'analyse des réponses est prévue pour le début de l'année 2026.
- Développement d'une plateforme de soutien financier : Une plateforme web de collecte de dons, intitulée *Adopte une Plume* (Figure), a été développée afin de soutenir les éleveurs de races locales. Elle permet aux donateurs de contribuer financièrement, de suivre l'éleveur de leur choix et de recevoir, en contrepartie, différents lots (bracelet, livret, plumes, etc.).



Logo de la plateforme web Adopte une Plume

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ce projet a pour ambition de structurer, à l'échelle nationale, les acteurs engagés dans la conservation des races locales. Le SYSAAF se positionne comme coordinateur de cette dynamique collective. Du point de vue des filières avicoles, un large consensus reconnaît l'importance de la conservation de l'agro biodiversité comme réservoir d'adaptation face aux effets attendus du changement climatique (FAO, 2015).

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

La plateforme Adopte une Plume est en ligne depuis Mars 2026, elle s'accompagne d'article de vulgarisation dans divers média qui seront recensées de façon plus complète ultérieurement. Les autres actions n'ont pas encore donné lieu à publication.

Références bibliographiques citées :

INRAE 2023. Étude concernant l'actualisation, la définition et les exemples de valorisation des races locales, rustiques, menacées. 40 pages.

Rouger R., Amaral A., Bozzi R., Karolyi D., Skorput D., Lukovic Z., Candek Potokar M., Restoux G., Laloe D., Lenoir H., Skrlep M., Gutierrez Vallejos J., Mercat M-J. 2026 Etat des lieux de la gestion génétique des races locales de volailles en Europe : résultats d'une enquête multi-acteurs. Seizièmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, Tours, 18 et 19 mars 2026

FAO. 2015. The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by B.D. Scherf & D. Pilling. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments. Rome (available at <http://www.fao.org/3/a-i4787e/index.html>).

1.1.1.2. Mise en place d'un schéma de conservation *in situ* chez la poule Noire de Challans [GEroNIMO H2020]

Il s'agit ici de développer des méthodes pour permettre la traçabilité généalogique d'animaux de races locales de poules.

État de l'art :

La traçabilité et les protocoles de gestion génétique sont encore balbutiants chez les races locales de volailles (Chiron et al., 2018). Ce manque de suivi est préjudiciable à court et moyen terme pour ces races. Ainsi, l'inventaire des éleveurs de chacune de ces races est au mieux compliqué voire factuellement impossible. Les animaux de races pures peuvent être croisés avec des animaux appartenant à d'autres races, diluant ainsi la singularité génétique de chacune d'entre elles. Enfin, l'absence d'information généalogique augmente la probabilité de croisements entre apparentés, faisant courir le risque d'effets délétères liés à un niveau de consanguinité trop élevé (FAO, 2013).

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

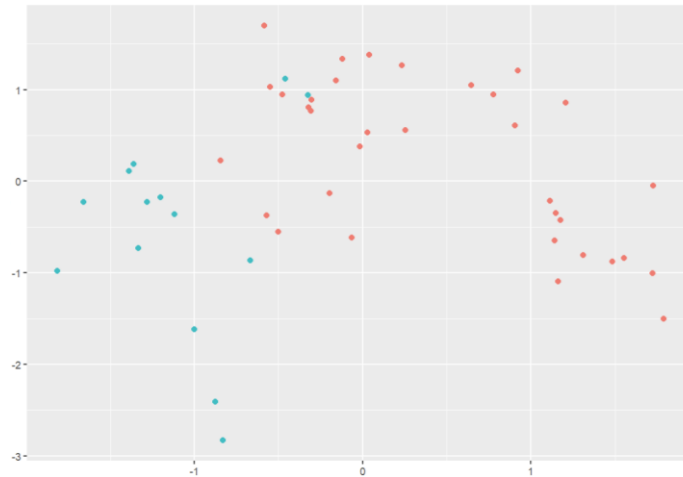
Peu de cheptels de volailles ont connu une gestion généalogique dans un contexte *in natura*. Dans le cadre de ce projet, il est donc nécessaire de tester et d'innover pour comprendre les modalités de gestion les mieux adaptées à la race et son système d'élevage (*i.e.* parquets collectifs vs parquets de mâles, vaccination systématique des animaux). Ces balbutiements ont pu causer quelques soucis au début du projet (mortalité importante, impossibilité de mise en reproduction, import d'individus nouveaux au schéma).

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les animaux de la génération G2 ont été génotypés au début de l'année 2025. L'assignation parentale a été réalisée à l'aide du logiciel APIS (Griot et al. 2020), en considérant comme parents potentiels les reproducteurs de la génération G1. Les performances d'assignation se sont révélées modérées, avec environ 50 % des individus assignés à un couple parental.

Afin d'évaluer la robustesse du panel de marqueurs utilisé, une analyse de puissance statistique a été conduite. Des descendants simulés de G1 ont été générés, et différents taux d'erreur de génotypage croissants ont été appliqués. Cette approche exploratoire indique que la fiabilité de l'assignation diminue fortement au-delà de 5 % d'erreur de génotypage. Ce niveau de sensibilité pourrait en partie expliquer les performances observées. Par ailleurs, l'absence éventuelle de certains reproducteurs dans la base de génotypes, ou un fort degré d'apparentement entre parents candidats, constituent d'autres facteurs susceptibles de réduire la capacité discriminante du panel.

En parallèle, des individus appartenant à la même race mais issus d'élevages distincts ont été intégrés au génotypage de la génération G2. Une analyse en composantes principales (ACP) réalisée sur leurs génotypes met en évidence une différenciation génétique par rapport au noyau de population historiquement utilisé par l'association. Ces animaux ont ainsi été pris en compte dans la constitution des nouveaux parquets de reproduction afin d'augmenter la diversité génétique au sein du noyau de gestion.



Représentation des deux premiers axes de l'analyse en composantes principales (ACP) réalisée à partir des génotypes des animaux de la génération G2. Les axes des abscisses et des ordonnées expliquent respectivement 14 % et 9,3 % de la variance totale du jeu de données. En rouge : individus issus du noyau de population de la race Noire de Challans détenu par l'association d'éleveurs. En bleu : individus issus de populations extérieures à celle gérée par l'association

Des parquets optimisés du point de vue de la diversité génétique ont été proposés à l'association gestionnaire, à l'aide de l'algorithme de recuit simulé développé les années précédentes. Ces recommandations ont servi à la production de la génération G3.

Au total, 95 animaux de G3 ont été produits puis génotypés. L'assignation parentale, réalisée cette fois vis-à-vis des reproducteurs G2, montre à nouveau des performances limitées, avec environ 60 % d'individus assignés. Les statistiques fournies par APIS suggèrent la possible absence de certains parents dans la base de référence : pour les individus non assignés, le nombre d'incompatibilités mendéliennes observé avec le premier couple proposé est du même ordre de grandeur que celui observé avec le second couple chez les individus effectivement assignés. Toutefois, ces éléments ne permettent pas de conclure de manière certaine à l'absence de parents génotypés.

Enfin, de nouveaux parquets ont été proposés à l'association gestionnaire en vue de la production de futurs reproducteurs, destinés à être intégrés au projet RESIGEN.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Progressivement, la collaboration entre le SYSAAF et l'association en charge de la conservation de la race se structure et se professionnalise. La traçabilité des prélèvements est désormais assurée par l'utilisation systématique de codes-barres apposés sur les tubes, ce qui limite les risques d'erreur et sécurise la chaîne d'information. Par ailleurs, le suivi sanitaire et vaccinal des animaux a été renforcé, permettant une mise en œuvre plus rigoureuse des recommandations du SYSAAF en matière de gestion et de suivi génétique. Cette étude met également en évidence les limites potentielles de l'utilisation d'un panel KASPar de 96 marqueurs. Lorsque les performances d'assignation parentale sont modestes, il devient difficile de déterminer si les échecs d'assignation résultent d'un manque de puissance du jeu de marqueurs ou de problèmes de traçabilité et des animaux sur le terrain. Cette ambiguïté complique l'interprétation des résultats et l'identification précise des sources d'erreur. Le recours à une puce Axiom (Thermo Fisher Scientific) dans le cadre du projet RESIGEN, comprenant plusieurs milliers de SNP, devrait permettre d'écartier l'hypothèse d'un manque de puissance lié à un nombre insuffisant de marqueurs. L'augmentation substantielle de la densité en SNP améliorera la robustesse des analyses d'assignation parentale et la précision des estimations de diversité génétique.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Aucune en 2025, mais le programme se terminant mi-2026, il fera l'objet de restitution une fois l'ensemble des travaux terminé.

Références bibliographiques citées :

FAO, 2013. In vivo conservation of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. No. 14. Rome.

Chiron, G., Chapuis, H., Tixier-Boichard, M., Restoux, G., Rognon, X., Lubac-Paye, S., Vieaud, A., Seigneurin, F., Petitjean, F., Guemene, D., 2018. Quelle stratégie pour une politique de conservation des races locales avicoles ? (Biodiva). *Innovations Agronomiques*, 63 : 357-371.

Griot, R., Allal, F., Brard-Fudulea, S., Morvezen, R., Haffray, P., Phocas, F., Vandeputte, M., 2020. APIS: An auto-adaptive parentage inference software that tolerates missing parents. *Mol. Ecol. Res.* 20:579-590

1.1.1.3. Races locales et génomique du paysage : une combinaison puissante pour détecter les gènes adaptatifs [GEroNIMO H2020]

L'objectif de cette étude est d'identifier les gènes sous-jacents contribuant à l'adaptation des races locales européennes de poules aux conditions environnementales de leur région d'élevage, en utilisant des techniques de génomique du paysage. Cette étude fait partie intégrante du programme de recherche européen GEroNIMO.

État de l'art :

A l'origine du projet, nous savons que les races locales de poule contiennent une grande diversité génétique et sont réparties géographiquement à travers le continent européen (Restoux et al., 2022). L'exposition de ces races au climat de leur région d'élevage leur a permis de s'y adapter. Forts de cette hypothèse, nous avons tenté d'utiliser des techniques de génomique des populations pour identifier l'adaptation climatique dans les génomes de ces races locales. L'analyse de redondance, une technique récemment développée en génétique des populations, semble prometteuse pour identifier l'adaptation chez les espèces domestiques (Capblancq *et al.*, 2021).

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

La plus grande incertitude de ce projet réside dans la manière de capturer au mieux la structure de population existant entre nos populations. Les techniques de génétique des populations sont traditionnellement appliquées à des populations sauvages, peu soumises à la sélection artificielle ; le génome des races domestiques a en revanche été largement façonné par l'intervention humaine. L'obstacle ici est donc de distinguer au mieux la sélection artificielle de la sélection adaptative induite par le climat.

Travaux de recherches menées en 2025, approche expérimentale et résultats :

En 2025, les échantillons analysés comprenaient 699 individus issus de 42 races couvrant une vaste zone climatique englobant six pays (France, Allemagne, Islande, Israël, Côte d'Ivoire, Norvège, Portugal, Russie, Espagne), et ont été génotypés à l'aide de la puce SNP multi-espèces Image 10K et de la puce Illumina 57K. Les individus ont été répartis en deux ensembles de données. L'ensemble de données A comprenait 4 240 SNP communs aux 699 individus. L'ensemble de données B comprenait 45 212 SNP et 455 individus. Vingt variables climatiques ont été extraites de la base de données WorldClim pour chaque origine de race.

L'ensemble de données A a été utilisé pour caractériser la structure de population des races à travers le paysage européen et pour éclairer les analyses génomiques du paysage menées sur l'ensemble de données B.

Nous avons eu recours à la génomique du paysage en utilisant trois approches différentes pour évaluer l'association génome-environnement (GEA), à savoir l'analyse de redondance (RDA), le modèle mixte à facteurs latents (LFMM) et la forêt de gradients (GF). Afin de tenir compte de la structure génétique, les proportions de métissage calculées à partir de l'ensemble de données A ont été utilisées comme covariables.

Nous avons identifié 1 034 SNP significatifs (valeur $p < 0,05$) à l'aide de la méthode RDA, 380 SNP significatifs (valeur $q < 0,1$) à l'aide de la méthode LFMM et 2 249 SNP ($R^2 > 0,56$) à l'aide de la méthode GF. Au total, 35 gènes ont été identifiés par les trois tests statistiques. Une analyse de l'ontologie des gènes et des analyses d'enrichissement ont été réalisées sur le sous-ensemble de gènes adaptatifs de chaque test. Aucune ontologie de gènes significativement enrichie n'a été trouvée dans les résultats du LFMM ; cependant, les résultats du RDA et du GF ont révélé que des gènes liés au développement des neurones et au développement du système nerveux étaient significativement enrichis. Ces résultats souligneraient le rôle du système nerveux dans l'adaptation au climat (Bohler et al., 2021). Parallèlement à cette découverte des 35 gènes communs, plusieurs d'entre eux ont des rôles connus dans l'adaptation au climat (YAP1, WWOX et MYLK2) (Luo et al., 2020 ; Nawaz et al., 2024).

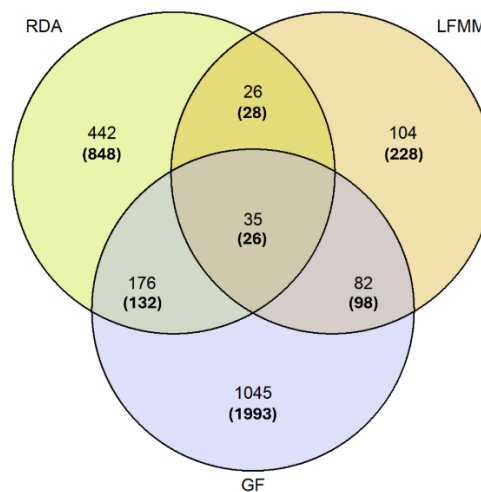
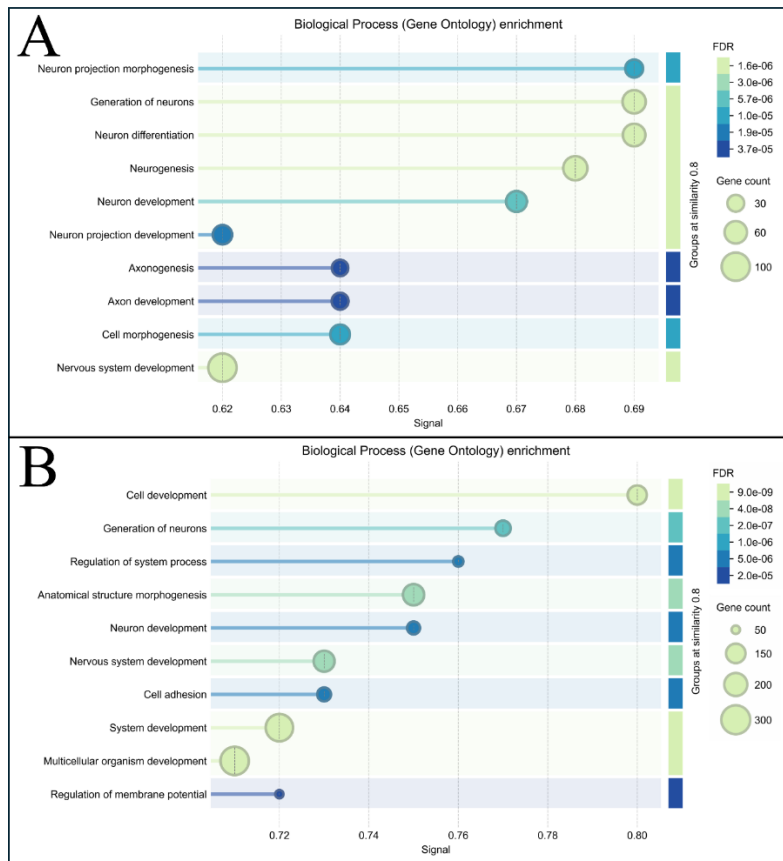


Diagramme de Venn illustrant le chevauchement entre les SNP adaptatifs (en gras et entre parenthèses) et les gènes (sans parenthèses) identifiés par l'analyse de redondance (RDA), le modèle mixte à facteurs latents (LFMM) et la forêt de gradients (GF).



Les 10 principaux termes d'enrichissement de l'ontologie génétique (Gene Ontology) pour les processus biologiques, pour les listes de gènes adaptatives issues de l'analyse de redondance (RDA ; A) et de la forêt de gradients (GF ; B).

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Le changement climatique menace la productivité des secteurs de la production d'œufs et des poulets de chair, ainsi que la survie de nombreuses races locales de poulets à travers le monde (Hoffman I., 2010). Cette recherche met en évidence la valeur des informations contenues dans les génomes des races locales de poulets et la nécessité de leur conservation. Elle identifie également des loci adaptatifs pouvant orienter les décisions de sélection chez les races commerciales. Une fois les loci adaptatifs liés à l'adaptation au climat identifiés, ils peuvent être intégrés dans les programmes de sélection afin de produire un cheptel plus résilient (Silpa et al., 2021). Les premiers résultats de ces travaux sont donc prometteurs.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces premiers résultats ont été présentés en 2025 lors de l'assemblée générale du projet GERonIMO, de la 114e Assemblée Générale de la Poultry Science Association aux USA, de la 76e réunion annuelle de la Fédération Européenne des sciences animales, à l'ESPG à Gdansk et des 8e Journées Techniques Inter Filières du SYSAAF (Kroger et al. 2025).

Références bibliographiques citées :

- Capblancq, T. & Forester, B. R., 2021. Redundancy analysis: A Swiss Army Knife for landscape genomics. *Methods in Ecology and Evolution*, 12, 2298–2309.
- Restoux, G., Rognon, X., Vieaud, A., Guemene, D., Petitjean, F., Rouger, R., Brard-Fudulea, S., Lubac-Paye, S., Chiron, G., Tixier-Boichard, M., 2022. Managing genetic diversity in breeding programs of small populations: the case of French local chicken breeds. *Genet. Sel. Evol.* 54(1):56.
- Bohler MW, Chowdhury VS, Cline MA, Gilbert ER. Heat Stress Responses in Birds: A Review of the Neural Components. *Biology*. 2021;10:1095.

Kroger C., 2025. Réunion annuelle du projet Geronimo, financé par le programme européen H2020, à Saint-Jacques-de-Compostelle, en Espagne, du 4 au 6 juin 2025.

Kroger C. et al., 2025. A landscape genomics approach to detect adaptive loci in local chicken breeds. 114e réunion annuelle de la Poultry Science Association, juillet 2025, Raleigh (USA).

Kroger C. et al., 2025. Leveraging local breeds and landscape genomics to detect adaptive genes. 13th European Symposium in Poultry Genetics, Octobre 2025, Gdansk (Pologne).

Kroger, C., 2025. GEroNIMO: Genetic and spatial epigenetic structure of local chicken breed populations. 8th SYSAAF Inter-Sector Technical Days. Rennes, October 15-16.

Luo M, Meng Z, Moroishi T, Lin KC, Shen G, Mo F, et al. Heat stress activates YAP/TAZ to induce the heat shock transcriptome. Nat Cell Biol. 2020;22:1447–59.

Nawaz AH, Setthaya P, Feng C. Exploring Evolutionary Adaptations and Genomic Advancements to Improve Heat Tolerance in Chickens. Animals (Basel). 2024;14:2215.

Hoffmann, I., 2010. Climate change and the characterization, breeding, and conservation of animal genetic resources. Animal Genetics, 41: 32-46.

Silpa, MV., König, S., Sejian, V., Malik, PK., Nair, MRR., Fonseca, VFC., Maia, ASC., Bhatta, R., 2021. Climate-Resilient Dairy Cattle Production: Applications of Genomic Tools and Statistical Models. Front. Vet. Sci. 8:625189.

1.1.2. Aide à la sauvegarde de l'agro biodiversité *ex situ*

Les programmes de gestion *in situ* de la diversité des espèces exploitées en France se doivent d'être complétés par des méthodes de conservation *ex situ*. En effet, face au risque grandissant de perte d'agro biodiversité, risque associé à la pression économique, à la généralisation d'épidémies de plus en plus sévères (*e.g.* épidémie d'Influenza Aviaire Hautement Pathogène, IAHP), à l'accélération du changement climatique, ... la sauvegarde de l'agro biodiversité peut bénéficier efficacement de **l'amélioration des méthodes de sauvegarde *ex situ*** par cryopréservation ou plus généralement de méthodes de **biotechnologies de la reproduction**. Et même si certains protocoles de congélation ont été établis depuis quelques années sur certaines espèces, il reste de nombreuses espèces sur lesquelles ces protocoles ne sont pas au point.

En 2025, trois actions de R&D ont été conduites sur la semence aviaire (des espèces poules et palmipèdes), afin d'améliorer les dilueurs, les protocoles de cryopréservation et collecter des semences pour la CryoBanque Nationale.

1.1.2.1. Développement d'un dilueur pour conserver la semence aviaire fraîche pendant 24 h [RESIGEN France 2030]

L'une des tâches du projet RESIGEN (France2030) vise à développer et optimiser des formulations innovantes de dilueurs permettant la conservation de la semence aviaire fraîche pendant une durée cible de 24 heures, tout en maintenant la viabilité cellulaire, le pouvoir fécondant et en réduisant la charge bactérienne lors de la collecte, notamment dans le but de rendre possible des opérations de congélation de semences ultérieures dans de bonnes conditions pratiques.

État de l'art :

La conservation de la semence aviaire repose principalement sur des dilueurs standards tels que le BPSE ou des formulations de type Lake. Toutefois, ces formulations présentent des limites en termes de durée de conservation, la semence aviaire ne pouvant être conservée que 6 à 12 heures sans altération majeure de la qualité. Plusieurs études ont d'ailleurs montré que la semence aviaire fraîche ne peut être conservée au-delà de 6 à 12 h sans perte significative de fertilité (Bakst et al., 1994 ; Wishart, 1985). Des travaux récents suggèrent l'intérêt de l'ajout de molécules antioxydantes ou

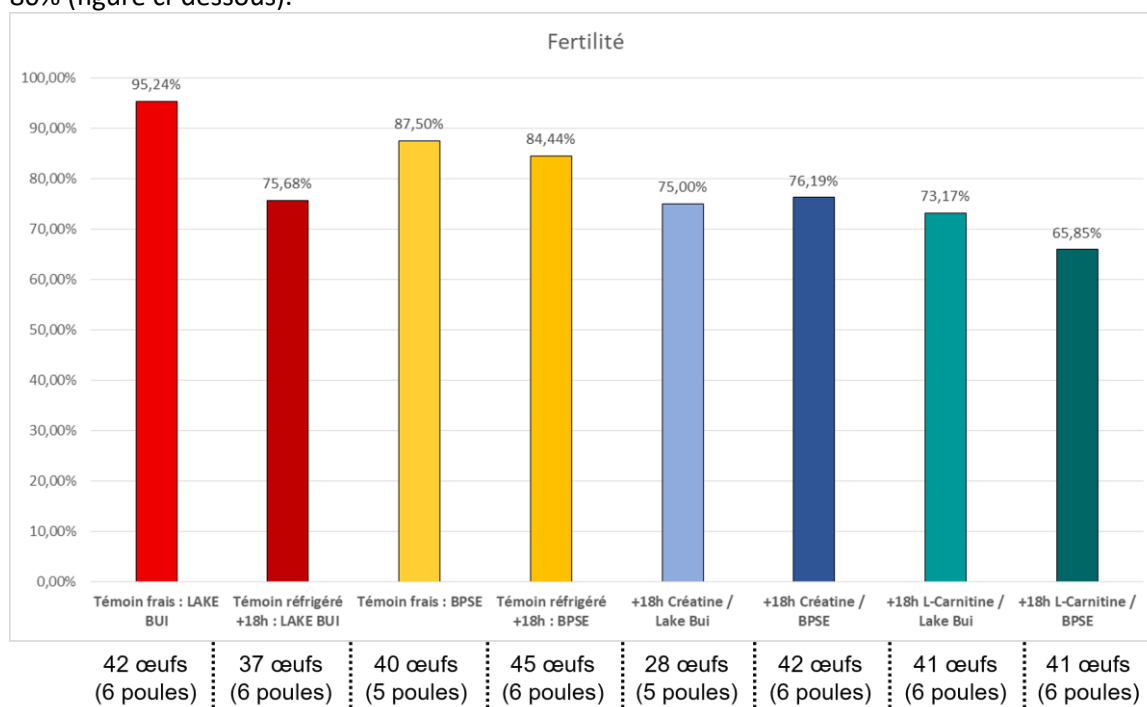
métaboliques afin de prolonger la viabilité des spermatozoïdes, sans qu'un consensus industriel robuste n'existe à ce jour. L'ajout de composés antioxydants ou métaboliques tels que la L-carnitine, la créatine ou le glutathion semble permettre de limiter le stress oxydatif et de maintenir la motilité et la viabilité des spermatozoïdes (Partyka et al., 2012 ; Rakha et al., 2016).

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Les principaux verrous concernent la dégradation rapide de la motilité spermatique, l'augmentation de la charge bactérienne, la variabilité inter-mâles et l'impact des molécules ajoutées sur le pouvoir fécondant.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Des expérimentations ont été menées sur des coqs reproducteurs sur les installations d'élevage INRAE de Nouzilly. Les semences ont été diluées et conservées dans différents milieux enrichis en molécules antioxydantes. La semence de coqs a été collectée, sa concentration mesurée et caractérisée *in vitro* à l'IVOS (IMV). Puis la semence a été diluée avec 4 formulations différentes de dilueur. Des inséminations artificielles ont été réalisées juste après dilution (1h post-collecte) et après 18h de stockages à 4°C sous agitation, révélant des taux de fertilité pour certaines formulations dépassant les 80% (figure ci-dessous).



Taux de fertilité de la semence fraîche et stocké pendant 18h dans 4 formulations différentes de dilueur (IA à 1.10^9 spz/mL + 80 µL avec les dilueurs : témoins (BPSE ou lake) + créatine, L-Carnitine.

Ces premiers résultats sont encourageants, et les travaux vont se poursuivre en 2026 sur un plus grand nombre d'animaux (50 poules par condition) et par des tests terrains permettant de calculer la fertilité réelle directement en élevage, chez les entreprises de sélection avicoles partenaires du projet.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces travaux répondent à la demande des entreprises de sélection visant à améliorer la conservation longue durée de la semence tout en maintenant son pouvoir fécondant.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Quelques résultats préliminaires ont été présentés lors des seizièmes journées de la recherche avicole et des palmipèdes à foie gras à Tours en mars 2026 (Sourdioux et al., 2026).

1.1.2.2. Cryoconservation de la semence de coqs de lignées pures [CASDAR]

Dans un contexte de sécurisation des ressources génétiques avicoles et de continuité des schémas de sélection, des opérations de cryoconservation de semence de coqs ont été réalisées chez un adhérent de la filière. L'objectif était de constituer des lots de paillettes de semence congelée pour plusieurs lignées, conformément aux exigences de la Cryobanque Nationale, tout en assurant la traçabilité des lignées stockées et des volumes produits.

État de l'art :

La cryoconservation de la semence aviaire est une technique difficile mais un protocole est largement décrit dans la littérature scientifique. Les protocoles reposent sur des étapes successives de dilution, d'ajout de cryoprotecteurs pénétrants tels que le glycérol, et de congélation contrôlée, permettant d'assurer la viabilité post-décongélation des spermatozoïdes aviaires (Bakst et al., 1994 ; Blesbois et al., 2007). Ces protocoles sont aujourd'hui formalisés et validés au niveau national par la Cryobanque Nationale et sont mis en œuvre au SYSAAF.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

La technique de cryoconservation de la semence de coqs est aujourd'hui pleinement maîtrisée au sein du SYSAAF, conformément aux protocoles validés par la Cryobanque Nationale. Les travaux réalisés ne visaient pas la levée de verrous scientifiques majeurs, mais la mise en œuvre opérationnelle et reproductible de ces protocoles chez un adhérent, dans un contexte réel de production et de conservation génétique.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Des collectes de semence ont été réalisées par pool sur plusieurs coqs appartenant à différentes lignées. Après mesure du volume de semence, celle-ci a été diluée selon un protocole conforme aux recommandations de la Cryobanque Nationale, incluant une phase de pré-dilution suivie de l'ajout d'un dilueur contenant du glycérol à 11 % comme cryoprotecteur. La semence a ensuite été conditionnée en paillettes codées par couleur, puis stockée en canisters identifiés. Six lignées distinctes ont été cryoconservées (pour un total de 289 paillettes produites et stockées) :

- **C11** : 14 paillettes
- **S55K** : 55 paillettes
- **S33** : 51 paillettes
- **A11S** : 63 paillettes
- **C44** : 52 paillettes
- **T44** : 54 paillettes

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces opérations contribuent directement à la sécurisation des lignées génétiques avicoles et à la constitution de réserves de semences à long terme. Elles renforcent également la capacité du SYSAAF à accompagner ses adhérents dans la conservation du matériel génétique et la gestion durable des schémas de sélection.

1.1.2.3. Mise au point et validation d'un protocole de cryopréservation de la semence aviaire [Palmigel CIFOG]

Ce programme financé par le CIFOG vise à développer et valider un protocole de cryoconservation de la semence de canard (Pékin et Barbarie) directement applicable en centre d'insémination artificielle, en privilégiant une procédure robuste et simple à exécuter en conditions terrain.

État de l'art :

La cryoconservation de la semence aviaire est un levier de sauvegarde génétique reconnu, mais son transfert en routine chez les palmipèdes est limité par la sensibilité marquée des spermatozoïdes de canard aux chocs thermo-osmotiques et par la difficulté à préserver une fertilité post-décongélation compatible avec les exigences de terrain (Long, 2006 ; Blesbois, 2007).

Les protocoles publiés reposent fréquemment sur des cryoprotecteurs efficaces mais pouvant être spermicides *in vivo* ou imposant des étapes supplémentaires (ex. élimination/lavage) peu compatibles avec les cadences d'un centre d'IA. La littérature met en évidence le rôle déterminant (i) du choix du dilueur (composition ionique, substrats énergétiques, tampons), (ii) de l'osmolarité et du pH, (iii) du temps d'équilibration cryoprotecteur, et (iv) de la cinétique de congélation sur l'intégrité membranaire et la fonctionnalité spermatique (Blesbois, 2007 ; Woelders, 2020).

Enfin, au-delà des paramètres de cryobiologie, les performances *in vivo* dépendent aussi de la dose déposée et de la dynamique de stockage dans l'oviducte, dont les contraintes physiologiques sont bien documentées chez les oiseaux (Bakst, 1987). Dans ce contexte, l'enjeu filière est de disposer d'un protocole standardisé, robuste et réellement transférable en conditions opérationnelles.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Les principaux verrous identifiés concernent la toxicité potentielle des cryoprotecteurs, la difficulté d'obtenir un équilibre entre protection membranaire et compatibilité *in vivo*, ainsi que la forte variabilité inter-espèces observées entre canard Pékin et canard de Barbarie.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les travaux conduits en 2025 ont reposé sur une optimisation séquentielle des paramètres de cryoconservation influençant directement la fertilité post-décongélation de la semence de canard. Chez le canard Pékin, le protocole le plus performant repose sur l'utilisation du dilueur FEB (French Extender for Birds) associé au DMA (diméthyl-acétamide) à 6 %, avec un temps d'équilibration de 45 minutes à 4 °C, suivi d'une descente rapide en température d'environ $-60\text{ °C}\cdot\text{min}^{-1}$ jusqu'à -140 °C avant immersion dans l'azote liquide. Ce schéma permet de limiter la formation de cristaux intracellulaires tout en maintenant l'intégrité membranaire et aboutit à des fertilités répétées comprises entre 75 et 80 %, rendant le protocole directement transférable en conditions terrain. Chez le canard de Barbarie, la simple transposition de ce protocole s'est révélée inefficace, avec des fertilités initiales limitées à 10–14 %, ce qui a conduit à une phase de criblage approfondi des dilueurs et conditions physico-chimiques. Le protocole finalement retenu repose sur l'utilisation du dilueur BHSV (Beltsville HEPES-Saline-Vitelline) supplémenté en DMA 6 % et tréhalose 0,2 %, avec un temps d'équilibration allongé à 60 minutes à 4 °C, nécessaire à une pénétration homogène du cryoprotecteur dans les spermatozoïdes de Barbarie, plus sensibles aux chocs osmotiques. La congélation efficace repose sur une descente contrôlée en deux phases, d'abord $-7\text{ °C}\cdot\text{min}^{-1}$ de $+4\text{ °C}$ à -35 °C , puis $-60\text{ °C}\cdot\text{min}^{-1}$ jusqu'à -140 °C avant stockage en azote liquide. Cette cinétique plus progressive que chez le Pékin réduit les lésions de membrane et améliore la survie cellulaire. Ce protocole a permis d'atteindre jusqu'à 76 % de fertilité en phase de criblage, puis environ 51 % lors de validations homogènes, contre 19 % avec le dilueur Lake C et des valeurs nettement inférieures avec le FEB (18 % puis 3 % selon variantes). Ces résultats confirment une forte dépendance espèce-dilueur et l'importance du contrôle fin des vitesses de refroidissement chez le Barbarie.

Dans le cadre des croisements mulards (♂ Barbarie × ♀ Pékin), l'utilisation du BHSV + DMA 6 % + tréhalose 0,2 %, avec la même cinétique de congélation que le Barbarie, a permis une amélioration relative avec une fertilité moyenne d'environ 35 %, très supérieure aux 3 % observés avec Lake C, mais demeurant inférieure aux seuils requis pour un déploiement industriel immédiat.

L'ensemble de ces résultats démontre que le protocole FEB + DMA 6 % à congélation rapide est pleinement transférable pour le Pékin, que le protocole BHSV + DMA + tréhalose à congélation

biphasique contrôlée constitue une solution fonctionnelle et reproductible pour la sauvegarde génétique du Barbarie, tandis que l'application en croisement mulard nécessite encore des optimisations avant une utilisation filière à grande échelle.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Les travaux ont identifié les paramètres clés de la fertilité post-décongélation et abouti à un protocole standardisable en conditions terrain. Ils renforcent la résilience génétique des entreprises face aux crises sanitaires et fournissent à la filière un outil opérationnel de sauvegarde et de relance de la production.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les résultats ont fait l'objet de restitutions techniques auprès des partenaires de la filière et ont été intégrés dans des documents de protocoles opérationnels destinés aux unités expérimentales INRAe.

Références bibliographiques citées :

- Bakst, M. R. 1987. Sperm storage in the avian oviduct. *Journal of Experimental Zoology* 243: 495-505. <https://doi.org/10.1002/jez.1402430313>
- Bakst, M. R., & Brillard, J. P. (1994). Sperm storage and transport in poultry. *Poultry Science*, 73, 939–948. <https://doi.org/10.3382/ps.0730939>
- Bakst, M. R., Wishart, G. J., & Brillard, J. P. (1994). *Oviductal sperm selection, transport, and storage in poultry*. *Poultry Science*, 73, 939–948.
- Blesbois, E. 2007. Current status in avian semen cryopreservation. *World's Poultry Science Journal* 63: 213-222. <https://doi.org/10.1017/S0043933907001441>
- Blesbois, E., Seigneurin, F., Grasseau, I., & Brillard, J. P. (2007). Effect of cryoprotectants on post-thaw viability of chicken sperm. *Cryobiology*, 54, 43–52. <https://doi.org/10.1016/j.cryobiol.2006.11.005>
- Long, J. A. (2006). Avian semen cryopreservation: What are the biological challenges? *Poultry Science*, 85, 232–236. <https://doi.org/10.1093/ps/85.2.232>
- Partyka, A., Nizański, W., & Ochota, M. (2012). *The effects of L-carnitine on chicken sperm motility and viability*. *Poultry Science*, 91, 281–287.
- Rakha, B. A., Ansari, M. S., Hussain, I., et al. (2016). *Antioxidants and semen preservation in poultry*. *Poultry Science*, 95, 1109–1117.
- Surai, P. F. 2000. Antioxidant systems in poultry biology: Superoxide dismutase. *Journal of Poultry Science* 37: 1-17. <https://doi.org/10.2141/jpsa.37.1>
- Sourdioux M., Brard-Fudulea S., Dangy L., Govoroun M., Hazard A., Le Bihan-Duval E., Mercat M_J., Mérour I., Pain B., Poncet C., Restoux G., Reverchon M., Rouger R., Tribout T., 2026. Une approche globale pour la préservation de la souveraineté et l'agro-biodiversité des filières avicoles. Seizièmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, Tours, 18 et 19 mars 2026.
- et porcines Wishart G.J., 1985. Quantitation of the fertilizing ability of fresh compared with frozen and thawed spermatozoa. *Br. Poult Sci.*, 26 (1985), pp. 375-380.
- Woelders, H., A. Matthijs, and B. Engel. (2020). Effects of cryopreservation on sperm structure and function. *Theriogenology* 150: 92-99. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2020.02.018>

Pour les espèces aquacoles en 2025, les principaux travaux ont été consacrés à la conservation des spermatozoaires, en frais ou cryopréservés, chez la crevette bleue, en comme chaque année la cryobanque aquacole, cogérée par le SYSAAF, a connu une importante activité

1.1.2.4 Conservation courte durée au frais de spermatozoaires de crevette bleue [DRM]

Le projet CryoShrimp explore le maintien de viabilité de spermatozoïdes de la crevette bleue *Litopenaeus stylirostris* conservés au frais, dans le but d'obtenir une flexibilité d'organisation des

accouplements contrôlés en sélection. En ce sens cette technique doit aboutir à une facilité de gestion de la diversité intra lignée.

État de l'art :

Originaire de la côte Est du Pacifique, la crevette bleue a été domestiquée et introduite à partir des années 1970 à Hawaï, en Nouvelle-Calédonie et en Polynésie Française (Haffray et al., 2025). Depuis, des programmes de sélection ont été mis en place, impliquant la maîtrise des croisements par fécondation manuelle. La conservation au frais des spermatophores lors d'une saison de ponte apporterait de la souplesse dans l'organisation des croisements. Certains travaux ont déjà étudié cette possibilité sur d'autres espèces de crevettes, sur des durées variables (maximum 35 jours) et avec différents dilueurs de conservation. On peut citer par exemple sur *P. monodon* l'obtention de taux de fécondations identiques aux témoins après 8 jours à 3°C dans une huile minérale (Nimrat et al., 2005). Ou encore sur *L. vannamei* avec l'obtention de 69,5% de viabilité après 35 jours à 3°C dans ce dilueur avec ajout d'antibiotiques (Nimrat et al., 2006). Sur *P. merguensis*, 56,4% de viabilité était observé après 28 jours à 3°C dans une solution saline sans calcium (Nimrat 2020). C'est ce dilueur qui a été testé dans la présente expérimentation sur *L. stylirostris*.

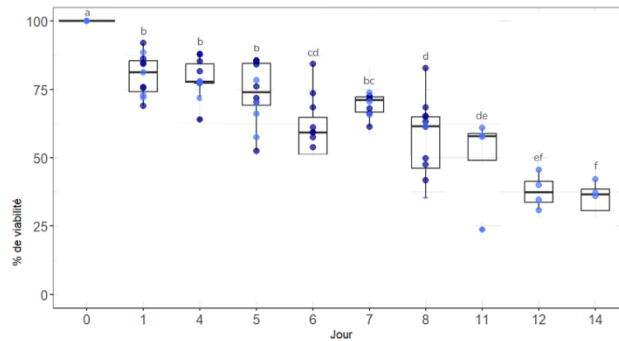
Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Le transfert d'une méthodologie éprouvée sur une espèce ne garantit pas forcément le succès sur une autre espèce. L'objet serait de confirmer que sur une période d'une semaine (le temps nécessaire aux fécondations pour produire une cohorte en sélection) la viabilité des spermatophores dans le dilueur de conservation à 3°C est maintenue autour de 75% ou plus (comme dans Nimrat et al. (2020)). Par ailleurs, seule l'obtention de larves issues de la fécondation de femelles avec des spermatophores conservés au frais plusieurs jours permettrait de conclure sur l'efficacité réelle de la méthode. Mais le dispositif expérimental ne permettait pas d'aller jusqu'aux stades d'incubation ou d'éclosion. Le critère de viabilité utilisé constitue un indicateur d'intégrité cellulaire des spermatozoïdes, mais pas de fécondance. Ainsi, des spermatozoïdes non viables seront certainement non fécondants, mais à l'inverse, des spermatozoïdes viables ne seront pas pour autant forcément fécondants. Aussi, la viabilité moyenne peut être faible avec une faible proportion de spermatozoïdes viables qui pourraient suffire à eux seuls pour assurer les fécondations. A notre connaissance il n'y a pas de résultats scientifiques permettant d'étayer ces pistes (sur les ratios ovocytes/spermatozoïdes pour une fécondation réussie par exemple). Il s'agit donc d'une étude très exploratoire.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les spermatophores de 84 mâles matures de 10 mois d'âge (40 g de poids moyen) ont été prélevés sur l'écloserie VAIA (Vairao, Tahiti) et placés dans des tubes contenant la solution saline sans calcium, avec antibiotiques, comme décrit par Nimrat et al. (2020), pour stockage au réfrigérateur (4°C) pendant 14 jours. Chaque jour, 4 à 8 spermatophores ont été déstockés pour en contrôler la viabilité des spermatozoïdes. La viabilité est contrôlée par marquage à l'éosine et observation en microscopie optique : la cellule est viable si elle reste transparente, la cellule est non viable si le pigment l'a pénétré et qu'elle est rose.

La figure ci-dessous présente l'évolution du pourcentage de viabilité au fil du temps (les lettres indiquant des différences significatives de viabilités entre jours de contrôle).



*Evolution du pourcentage de viabilité des spermatozoïdes issus de spermatophores de *L. stylirostris* conservés dans une solution saline sans calcium avec antibiotiques à 4°C pendant 14 jours*

La viabilité diminue significativement par rapport au témoin dès les premières 24h de stockage au réfrigérateur. Cependant, la viabilité moyenne est stabilisée à plus de 78% pendant 5 jours. Elle ne baisse que plus significativement après 8 jours de conservation au frais (pour atteindre 37% en moyenne au bout de deux semaines).

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces résultats permettent d'envisager la conservation au frais des spermatophores de crevette bleue sur une semaine, durée suffisante pour la réalisation de fécondations artificielles nécessaires aux plans de croisement contrôlés dans le cadre de schémas de sélection. Il s'agit également d'une méthodologie prometteuse pour permettre la diffusion par la voie mâle de la génétique des programmes de sélection vers d'autres écloséries de crevettes (centres de multiplication par exemple). Il s'agirait par la suite de tester la fécondation avec des spermatophores stockés 7 jours à 4°C dans le dilueur de conservation afin de confirmer l'applicabilité à la filière.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les sélectionneurs de crevette adhérant au SYSAAF ont pu suivre des réunions régulières de restitution de ces résultats. Ils ont également été diffusés dans le laboratoire d'accueil du stage de Master 2 lié à cette expérimentation à Papeete, ont fait l'objet d'un rapport de stage de l'Université de Bretagne Occidentale ainsi qu'une soutenance. Toutes les entreprises adhérentes au SYSAAF ont pu avoir connaissance de ces résultats lors des Journées Techniques inter filières du SYSAAF (Poncin et al., 2025). Enfin, ils ont fait l'objet d'une communication lors d'un congrès européen d'aquaculture (EAS) (Poncin et al.2025b).

1.1.2.5 Cryoconservation longue durée de spermatophores de crevette bleue [DRM]

Au sein du même programme, l'objectif était d'explorer le maintien de viabilité de spermatozoïdes cryoconservés de *Litopenaeus stylirostris*, dans le but de sécuriser la filière (conservation longue durée des ressources génétiques).

État de l'art :

La cryoconservation permettrait la sécurisation de la ressource génétique de cette filière. Plusieurs travaux ont testé la cryoconservation de spermatophores de différentes espèces de crevettes, avec différents dilueurs de cryoconservation, différentes durées de stockage en azote liquide, et des succès mitigés en termes de viabilité des spermatozoïdes à la décongélation. Seule une étude sur *F. merguensis* a permis d'obtenir une certaine stabilité de la viabilité des spermatozoïdes issus de spermatophores cryoconservés pendant 6 mois (autours de 80%) grâce à l'ajout d'antibiotique dans le dilueur de cryoconservation (Nimrat et al., 2022). C'est ce protocole qui a été testée dans la présente expérimentation sur *L. stylirostris*.

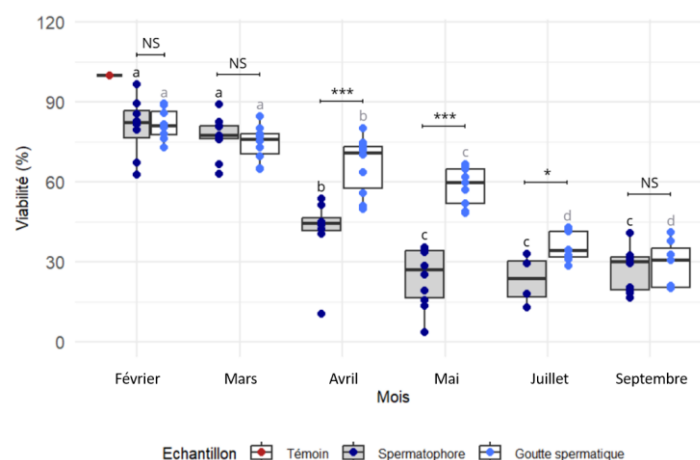
Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Le transfert d'une méthodologie éprouvée sur une espèce ne garantit pas forcément le succès sur une autre espèce. En outre, nous avons testé la cryoconservation en paillettes d'une suspension de spermatozoïdes extraits de la masse spermatique contenue dans les spermatophores. Il s'agit d'une technique beaucoup moins décrite en crevette (jamais sur *L. stylirostris*) que les cryoconservations de spermatophores entiers en cryotubes. Par ailleurs, seule l'obtention de larves issues de la fécondation de femelles avec des spermatophores décongelés après plusieurs mois stockés dans l'azote liquide permettrait de conclure sur l'efficacité réelle de la méthode. Mais le dispositif expérimental ne permettait pas d'aller jusqu'aux stades d'incubation ou d'éclosion. Le critère de viabilité utilisé constitue un indicateur d'intégrité cellulaire des spermatozoïdes, mais pas de fécondance. Ainsi, des spermatozoïdes non viables seront certainement non fécondants, mais à l'inverse, des spermatozoïdes viables ne seront pas pour autant forcément fécondants. Aussi, la viabilité moyenne peut être faible avec une faible proportion de spermatozoïdes viables qui pourraient suffire à eux seuls pour assurer les fécondations. A notre connaissance il n'y a pas de résultats scientifiques permettant d'étayer ces pistes (sur les ratios ovocytes/spermatozoïdes pour une fécondation réussie par exemple). Il s'agit donc d'une étude très exploratoire.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les spermatophores de 118 mâles matures de 10 mois d'âge (40 g de poids moyen) ont été prélevés sur l'écloserie VAIA (Vairao, Tahiti). Un spermatophore a été placé dans un cryotube pour 98 mâles et les masses spermatiques contenues dans les spermatophores de 20 autres mâles ont été mises en suspension pour cryoconservation en paillettes de 0,5 mL. Le dilueur de cryoconservation utilisé est tel que décrit dans Nimrat et al. (2022). Ces échantillons ont été maintenus 10 mois dans l'azote liquide. Des contrôles de viabilité ont été effectués au fil du temps à M+1 (un mois plus tard), M+3, M+4, M+6 et M+8. La viabilité est contrôlée par marquage à l'éosine et observation en microscopie optique : la cellule est viable si elle reste transparente, la cellule est non viable si le pigment l'a pénétré et qu'elle est rose.

La viabilité des spermatozoïdes issus de la cryoconservation de spermatophores en cryotubes ou de masse spermatique en paillettes baisse au fil des mois (Figure 1). De 80% à 82% de viabilité au lendemain de la congélation on passe à 27% et 29% (respectivement pour les spermatophores et paillettes) 8 mois plus tard. La baisse a été plus rapide pour les spermatophores en cryotubes que dans les paillettes dès M+2. Les niveaux de viabilité redeviennent comparables à partir de M+6 entre cryotubes et paillettes.



*Evolution du pourcentage de viabilité des spermatozoïdes de *L. stylirostris* cryoconservés pendant 10 mois, issus de spermatophores ou de masse spermatique en suspension. Les lettres indiquent des différences significatives de viabilités entre mois de contrôle. Les étoiles indiquent des différences significatives de viabilité entre cryotubes et paillettes*

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces premiers résultats sont très encourageants dans la perspective de disposer d'une méthode de sécurisation des ressources génétiques de crevette bleue via la cryoconservation. Ils pointent des besoins d'amélioration de la procédure pour que la viabilité des spermatozoïdes contenus dans les spermatophores soit aussi bien préservée que dans les paillettes, et pour maintenir une viabilité proche de 80% sur la durée. A noter que l'écloserie partenaire a directement pu tester des fécondations à partir de spermatophores décongelés après 8 mois dans l'azote liquide, et a obtenu des larves viables. Un dispositif expérimental à plus grande échelle permettrait d'en confirmer la réelle applicabilité, notamment sur des durées de stockage supérieures à 1 an, ou encore sur l'utilisation de suspension spermatique (décongelée) pour les fécondations.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les sélectionneurs de crevette adhérant au SYSAAF ont pu suivre des réunions régulières de restitution de ces résultats. Ils ont également été diffusés dans le laboratoire d'accueil du stage de Master 2 lié à cette expérimentation à Papeete, ont fait l'objet d'un rapport de stage de l'Université de Bretagne Occidentale ainsi qu'une soutenance. Toutes les entreprises adhérentes au SYSAAF ont pu avoir connaissance de ces résultats lors des Journées Techniques Inter filières du SYSAAF (Poncin et al., 2025). Ils feront l'objet d'une communication lors de congrès national et européen d'aquaculture (Poncin et al., 2025b).

Références bibliographiques citées :

- Haffray, P., Enez, F., Mahunon, H., Lorgeoux, B., Blanc, P.P., Genestout, L., Rivaton, A., Bugeon, J., Liautard-Haag, C., Gagnaire, P.-A., Vandeputte, M., 2025. High residual additive genetic variability in a Pacific blue shrimp *Litopenaeus stylirostris* population after 36 generations of domestication from only 4 estimated founders. *Aquaculture*. 609, 742835
- Nimrat, S., Sangnawakij, T., Vuthiphandchai, V., 2005. Preservation of black tiger shrimp *Penaeus monodon* spermatophores by chilled storage. *Journal of the World Aquaculture Society*. 36 (1), 76-85.
- Nimrat, S., Siriboonlamom, S., Zhang, S., Xu, Y., Vuthiphandchai, V., 2006. Chilled storage of white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) spermatophores. *Aquaculture*. 261 : 944-951.
- Nimrat, S., Playsin, N., Jong-on, B., Boonthai, T., Vuthiphandchai, V., 2020. Chilled storage of banana shrimp (*Fenneropenaeus merguensis*) spermatophores with supplementation of moringa (*Moringa oleifera* Lam.) extract. *Aquac Res*. 51:3582–3592.
- Nimrat, S., Sonwat, S., Matharatanukul, B., Boonthai, T., Vithiphandchai, V., 2022. Chilled and cryopreserved spermatophores of banana shrimp (*Fenneropenaeus merguensis*): Effects of antibiotics on sperm quality and bacterial abundance. *Aquaculture*. 560, 738551.
- Poncin, M., Lafille M.-A., Boucher, C., Tchou Fouk M.-J., Labbé, C., Bestin, A., Haffray, P., Demoy-Schneider, M., 2025. CryoShrimp : Premiers résultats d'essais de cryoconservation de spermatophores et gouttes spermatiques chez la crevette bleue en Polynésie. 8ème Journées Techniques Interfilières du SYSAAF. Présentation orale, Rennes, 15 octobre 2025.
- Poncin, M., Lafille M.-A., Boucher, C., Tchou Fouk M.-J., Labbé, C., Bestin, A., Haffray, P., Demoy-Schneider, M., 2025b. Short-term chilled preservation of *Litopenaeus stylirostris* spermatophores. *Aquaculture Europe*, 22-25 septembre 2025, Valence, Espagne. Poster.

1-1-2-6 Gestion et amélioration des services de la cryobanque des espèces aquacoles CryoAqua en 2025 [dont CASDAR]

L'objectif de cette action est de sécuriser les investissements en sélection des espèces aquacoles par la cryoconservation des nouvelles générations de sélection et de faciliter l'utilisation de reproducteurs améliorés.

État de l'art :

Depuis 2012, et suite à diverses actions de R&D en partenariat avec l'INRAE soutenues par la Région Bretagne et le Ministère de la Recherche (Maisse et al., 1998 ; Suquet et al., 2010, Fauvel et al., 2012 ; Suquet et al., 2014, Labbé et al., 2018), le SYSAAF a formalisé la création d'un service de cryoconservation des ressources génétiques aquacoles à ses entreprises adhérentes sous la forme de la cryobanque des espèces aquacoles CryoAqua (St Aubin du Cormier, 35). Ce service, développé en partenariat avec l'INRAE, l'Ifremer et le GIS Cryobanque Nationale, a été délégué à la coopérative d'insémination artificielle URCEO devenue en 2022 Syntetic (leader européen de la sélection bovine). Le SYSAAF assure la coordination des interactions entre les partenaires. Dans le cadre de programmes de recherche les partenaires élaborent et valident des améliorations des protocoles de congélation de semences ou d'embryons (larves) qui peuvent ensuite être transférés à Syntetic pour être appliqués aux espèces d'intérêt.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

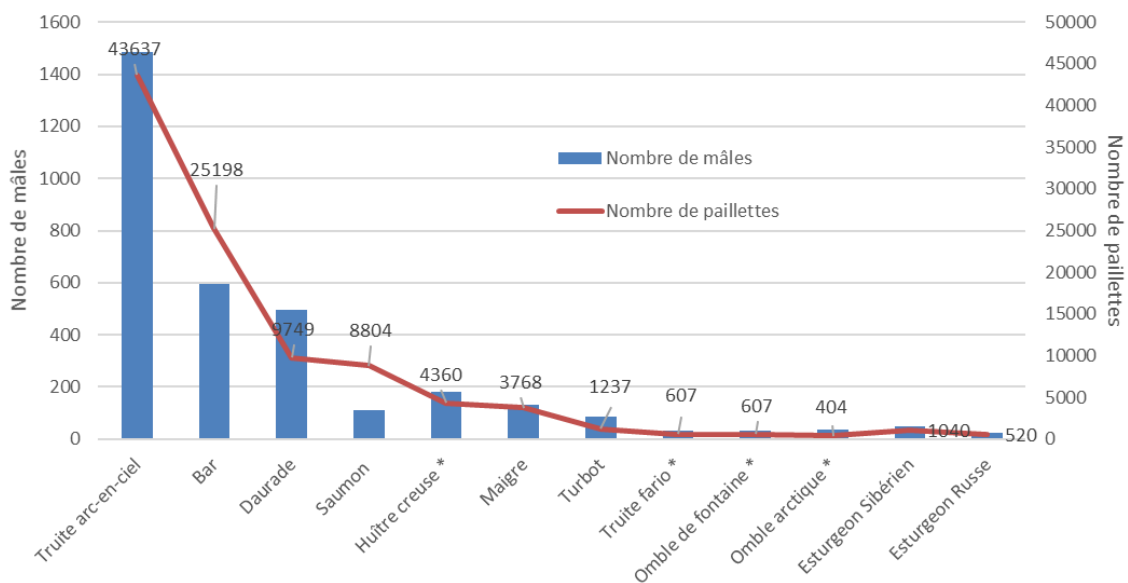
Les aléas des travaux reposent sur la disponibilité d'animaux aux stades attendus de maturation sexuelle et à la disponibilité en gamètes de bonne qualité. La mise en place d'une structure de cryoconservation ex-situ suppose aussi que les échanges entre les entreprises de sélection et cette structure soient encadrés et réalisés selon des procédures afin de permettre le transport de produits vivants en frais ou sous forme congelée. Les travaux visant l'amélioration de ces procédures ou le développement de nouvelles procédures par exemple pour de nouvelles espèces s'inscrivent dans ce contexte et ses objectifs et sont dépendants des mêmes aléas.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

En 2025, les travaux de la cryobanque ont porté sur la sécurisation des investissements en sélection. 8 opérations de congélation et 2 de sorties de matériel (semences) ont été réalisées pour 4 espèces et pour 5 entreprises de sélection ou de conservation et restauration génétique de bar, de daurade, de truite et 1 association de restauration du saumon atlantique sauvage. 10 033 paillettes ont été congelées pour 229 mâles. Une partie des semences congelées le sont pour de la conservation de ressources génétiques avec un nombre adapté et limité de paillettes par mâles et un grand nombre de mâles, une autre pour de l'amélioration de la diffusion génétique à partir de mâles élites avec plus de paillettes pour moins de mâles.

En 2025, 9 entreprises utilisent les services de la cryobanque, en plus de 3 sites expérimentaux de l'INRAE.

Le graphique suivant rapporte le nombre total cumulé de mâles congelés par espèce et de lignée depuis l'initiation de la cryobanque CryoAqua en 2012. Le nombre total de lignées cryoconservées par les entreprises est de 20 lignées de 12 espèces pour 3 817 mâles et 122 159 paillettes.



Cette année s'est aussi caractérisée par la mise en œuvre d'un stockage pour un sélectionneur réalisant lui-même sa cryoconservation et la réalisation ponctuelle de tests de motilité.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Le caractère multi spécifique et collectif de ces mises au point et de ce service concourent à la sécurisation de la filière mais aussi à l'amélioration de la valorisation des génétiques les plus intéressantes en permettant leur congélation et leur application plus élargie en multiplication commerciale.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

La valorisation des mises au point est effectuée via l'accord de partenariat avec la société Synetics pour les entreprises adhérentes au SYSAAF.

Références bibliographiques citées :

- Maisse G., Labbé C., Ogier de Baulny B., Leveroni Calvi S. and Haffray P., 1998. Cryoconservation du sperme et des embryons de poissons. *INRA Production Animale*, 11 (1) : 57-65.
- Suquet M., Labbé C., Brizard R., Donval A., Le Coz J.R., Quere C., Haffray P., 2010. Changes of motility, ATP content, morphology and fertilisation capacity during the movement phase of diploid and tetraploid Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) sperm. *Theriogenology*, 74 (1), 111-117.
- Fauvel, C., Boryshpolets, S., Cosson, J., Leedy, J.W., Labbé, C., Haffray, P., Suquet, M., 2012. Improvement of seabass sperm chilled conservation by the use of a cell culture medium. *J. Appl. Ichthyol.*, 28, 961–966. <https://doi.org/10.1111/jai.12071>
- Suquet M, Labbé C, Puyo S, Mingant C, Quittet B, Boulais, M., Queau, I., Ratiskol, D., Diss, D., Haffray, P., 2014. Survival, Growth and Reproduction of Cryopreserved Larvae from a Marine Invertebrate, the Pacific Oyster (*Crassostrea gigas*). *PLoS ONE* 9(4): e93486. doi: <https://10.1371/journal.pone.0093486>
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2018.01.023>

En 2025, un large part de l'activité R&D consacrée à la sauvegarde *ex situ* l'a été sur le développement des PGCs (Primordial Germ Cells) chez les espèces aviaires. La collecte, la culture, l'amplification, la

cryopréservation, l'injection dans un embryon hôte, sont autant d'étapes techniques nécessaires à l'utilisation des PGCs pour la sauvegarde des lignées nécessitant d'être développées ou optimisées. Les programmes CryoStore et RESIGEN sont en parties dédiés à ces travaux.

1.1.2.7. Les cellules germinales primordiales PGCs, un outil pour la conservation du patrimoine génétique chez le faisan commun [RESIGEN France2030]

L'objectif est ici de développer un protocole de culture *in vitro* des PGCs chez le faisan commun, un protocole jusqu'à présent jamais obtenu en France à notre connaissance.

État de l'art :

La conservation des ressources génétiques aviaires repose historiquement sur la cryopréservation de la semence, une méthode efficace mais incomplète. Elle ne permet pas de préserver le chromosome sexuel W, ni l'ADN mitochondrial, transmis par la lignée maternelle (Blesbois et al. 2007). Dans ce contexte, les cellules germinales primordiales (PGCs) constituent une alternative prometteuse car elles sont précurseurs des gamètes et permettent une restauration intégrale du génome. Chez le poulet, leur isolement, culture *in vitro*, cryopréservation et réintroduction dans des embryons hôtes sont aujourd'hui correctement maîtrisés à l'échelle du laboratoire (Whyte et al. 2015; Woodcock et al. 2019). En revanche, les connaissances restent très limitées pour d'autres espèces aviaires. Les exigences en facteurs de croissance et en signaux de maintien/prolifération semblent fortement dépendantes de l'espèce, ce qui rend l'établissement de lignées de PGCs stables et expansibles nettement plus difficile et peu standardisé. Quelques travaux ont montré la possibilité d'isoler les PGCs circulantes chez le faisan entre 62 à 72h d'incubation (Kim et al. 2005) ou même plus précocement (Chaipipat et al. 2021), mais les conditions de culture et de prolifération restent mal définies et peu étudiées.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Les principaux verrous résident dans la difficulté à trouver la fenêtre optimale de prélèvement des PGCs chez l'embryon de faisan, et dans l'absence actuelle d'un milieu de culture optimisé permettant la prolifération des PGCs.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Des lots de 90 œufs ont été collectés par notre partenaire Gibovendée puis incubés toutes les deux semaines afin de déterminer la fenêtre optimale de collecte des PGCs. Cette analyse nous a permis de définir la fenêtre optimale de prélèvement à 65-69h d'incubation chez le faisan, correspondant au stade XIV-XVI Hamilton-Hamburger où les PGCs sont encore abondantes dans la circulation sanguine. En dehors de cette fenêtre, aucune PGC n'est détectable dans la circulation : avant, la migration n'a pas encore débuté ; après, elle est achevée et les cellules ont rejoint les crêtes génitales.

Afin de confirmer l'identité germinale des cellules obtenues après culture, une analyse en immunocytochimie a été réalisée en utilisant le marqueur spécifique DAZL (Deleted in Azoospermia-Like). Les cellules observées se sont révélées positives pour DAZL, validant leur identité en tant que cellules germinales primordiales (Fig. 1). Dans un second temps, un protocole de culture *in vitro* a été développé afin d'amplifier les PGCs de faisan. Le milieu utilisé classiquement pour la culture des PGCs de poulet a été testé en première intention, sans permettre de prolifération cellulaire. Des ajustements ont ensuite été réalisés, notamment sur l'osmolarité et le pH du milieu, afin de les rapprocher des conditions physiologiques du sang embryonnaire de faisan. Ces adaptations ont permis de maintenir les PGCs en culture pendant plusieurs semaines, sans toutefois induire de prolifération significative.

L'ajout de facteurs de croissance (BMP4, FGF) n'a pas entraîné d'augmentation notable de la prolifération cellulaire. La supplémentation en sérum de poulet a, quant à elle, induit une

différenciation des cellules vers un phénotype fibroblastique, traduisant une perte de l'identité germinale. À ce stade, les PGCs peuvent être maintenues temporairement en culture, mais ne présentent pas de capacité d'expansion et finissent par dégénérer progressivement.

Les résultats obtenus reposent principalement sur des observations microscopiques réalisées à chaque changement de milieu. L'absence de prolifération cellulaire n'a pas permis d'acquérir des données quantitatives robustes (cinétique de croissance, viabilité ou comptage cellulaire longitudinal), ce qui constitue une limite méthodologique liée au faible nombre initial de cellules collectées.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

A ce stade les premiers travaux ont permis l'identification précise des paramètres nécessaires à l'isolement des PGCs de faisans. C'est une première étape pour la sécurisation des ressources génétiques de cette espèce.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Présentation orale aux Journées Techniques Inter Filières du SYSAAF 2025 (Bernardi, 2025) et aux JRA 2026 (Bernardi et al., 2026).

Références bibliographiques citées :

Bernardi, O., 2025. RESIGEN : Mise au point d'un protocole de collecte et culture in vitro de PGC chez le faisau. 8ème Journées Techniques Inter filières du SYSAAF. Présentation orale, Rennes, 15 octobre 2025.

Bernardi O., Sadeghzadeh F., Tricoire T., Reverchon M., 2026. Les cellules germinales primordiales, un outil pour la conservation du patrimoine génétique chez le faisau commun. Seizièmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, Tours, 18 et 19 mars 2026.

Blesbois, E., F. Seigneurin, I. Grasseau, C. Limouzin, J. Besnard, D. Gourichon, G. Coquerelle, P. Rault, et M. Tixier-Boichard. 2007. « Semen Cryopreservation for Ex Situ Management of Genetic Diversity in Chicken: Creation of the French Avian Cryobank ». *Poultry Science* 86(3): 555-64. doi:10.1093/ps/86.3.555.

Chaipipat, Suparat, Sukumal Prukudom, Kornkanok Sritabtim, Takashi Kuwana, Yanika Piyasanti, Rungthiwa Sinsiri, Chayada Piantham, et al. 2021. « Primordial Germ Cells Isolated from Individual Embryos of Red Junglefowl and Indigenous Pheasants of Thailand ». *Theriogenology* 165: 59-68. doi:10.1016/j.theriogenology.2021.02.010.

Kim, Jin Nam, Young Mok Lee, Tae Sub Park, Jin Gyoung Jung, Byeong Wook Cho, Jeong Mook Lim, et Jae Yong Han. 2005. « Detection and Characterization of Primordial Germ Cells in Pheasant (*Phasianus Colchicus*) Embryos ». *Theriogenology* 63(4): 1038-49. doi:10.1016/j.theriogenology.2004.05.016.

Whyte, Jemima, James D. Glover, Mark Woodcock, Joanna Brzeczynska, Lorna Taylor, Adrian Sherman, Pete Kaiser, et Michael J. McGrew. 2015. « FGF, Insulin, and SMAD Signaling Cooperate for Avian Primordial Germ Cell Self-Renewal ». *Stem Cell Reports* 5(6): 1171-82. doi:10.1016/j.stemcr.2015.10.008.

Woodcock, Mark E., Almas A. Gheyas, Andrew S. Mason, Sunil Nandi, Lorna Taylor, Adrian Sherman, Jacqueline Smith, et al. 2019. « Reviving Rare Chicken Breeds Using Genetically Engineered Sterility in Surrogate Host Birds ». *Proceedings of the National Academy of Sciences* 116(42): 20930-37. doi:10.1073/pnas.1906316116.

1.1.2.8. Création de lignées cellulaires de PGCs de différentes souches de *Gallus gallus* marquées avec un fluorochrome [RESIGEN France2030]

Il s'agit dans ce projet de créer et stabiliser des lignées cellulaires de cellules germinales primordiales (PGCs) de poulet intégrant de manière stable un fluorochrome de type GFP (Green Fluorescent Protein) afin de disposer d'un outil de traçage fiable pour l'étude de la colonisation gonadique et de la transmission germinale. L'objectif opérationnel est de produire trois lignées génétiques distinctes

marquées (chair, ponte, race locale) utilisables pour comparer différentes combinaisons donneur-receveur et identifier les associations optimisant le taux de colonisation des gonades de l'hôte et, par conséquent, l'efficacité des protocoles de restauration de lignée avicole.

État de l'art :

Les cellules germinales primordiales (PGCs) constituent les précurseurs des gamètes et présentent, chez les oiseaux, une phase de migration transitoire dans la circulation sanguine embryonnaire avant la colonisation des gonades. Le marquage fluorescent stable de ces cellules, notamment par GFP (Green Fluorescent Protein), a déjà été largement utilisé pour décrire la chronologie de leur migration, depuis leur apparition extra-gonadique jusqu'à leur intégration dans les crêtes génitales, ainsi que pour analyser leur capacité de colonisation après réintroduction chez un hôte receveur (Nakamura et al., 2013).

Plusieurs travaux ont démontré que des PGCs cultivées *in vitro* puis génétiquement modifiées conservent leur potentiel de transmission germinale, permettant l'obtention de descendants porteurs du marqueur introduit (Naito et al., 1994 ; van de Lavoie et al., 2006). L'utilisation de systèmes de transposition tels que piggyBac ou Tol2 a par ailleurs amélioré la stabilité d'intégration des transgènes fluorescents dans le génome des PGCs, rendant possible la création de lignées cellulaires marquées durables et reproductibles (Macdonald et al., 2010).

Ces approches ont ouvert la voie au développement de protocoles de restauration de lignées avicoles à partir de PGCs, aujourd'hui reconnus comme une stratégie pertinente de conservation génétique. Néanmoins, la littérature reste limitée concernant la comparaison systématique de couples donneur-receveur issus de génotypes contrastés, en particulier dans une perspective d'optimisation appliquée à l'échelle filière, ce qui constitue le positionnement spécifique du présent projet.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Le principal verrou réside dans la stabilité de l'intégration génomique du marqueur fluorescent et dans le maintien du potentiel germinal après modification génétique. La méthode de marquage repose ici sur une électroporation conjointe d'un plasmide GFP et d'un plasmide codant une transposase, permettant l'intégration stable du transgène dans le génome des PGCs. Les incertitudes concernent :

- l'efficacité de transfection variable selon le génotype,
- le risque de silencing du transgène au cours des passages cellulaires,
- la conservation de la capacité de colonisation gonadique après manipulation *in vitro*.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les travaux ont consisté en la collecte embryonnaire, la mise en culture, l'amplification *in vitro* et la transfection de PGCs issues de trois génotypes distincts : une lignée chair, une lignée ponte et une lignée de race locale (Bresse). Les PGCs ont été isolées à partir d'embryons au stade circulatoire, puis cultivées en conditions contrôlées. Un sexage cellulaire a été réalisé afin de constituer des cultures mâles et femelles séparées. Après deux semaines d'amplification *in vitro*, les cultures présentant les meilleures cinétiques de croissance ont été retenues sur la base de comptages cellulaires répétés.

Les cellules sélectionnées ont ensuite été triées puis co-transfectées par électroporation avec deux plasmides : l'un portant la GFP, l'autre la transposase nécessaire à l'intégration stable. Une sélection antibiotique a été appliquée afin d'éliminer les cellules non transfectées. L'obtention d'un signal fluorescent homogène au sein de la culture a attesté de la stabilité du marquage.

Une étape de clonage monocellulaire a ensuite été conduite : une cellule GFP positive a été isolée et mise en culture individuelle, puis remise en présence de cellules non marquées (« cellules blanches »).

Une nouvelle sélection antibiotique a permis d'éliminer ces dernières et de confirmer l'origine clonale des lignées fluorescentes.

À l'issue de cette démarche, six lignées cellulaires stables marquées GFP ont été établies : chair mâle, chair femelle, ponte mâle, ponte femelle, Bresse mâle et Bresse femelle. Ces lignées constituent désormais un jeu expérimental complet permettant l'évaluation croisée de couples donneur-receveur.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Le projet aboutit à la création d'un outil expérimental stratégique pour l'étude quantitative de la transmission germinale et de la colonisation gonadique des PGCs. Il permet d'objectiver les taux de restauration de lignée en fonction des combinaisons génétiques donneur-hôte et d'améliorer la robustesse des protocoles de conservation génétique. Pour la filière avicole, ces lignées marquées constituent un levier direct de sécurisation du patrimoine génétique, de réduction de la dépendance aux animaux vivants et d'optimisation des plans de sauvegarde et de relance après incident sanitaire.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Pas de valorisation

Références bibliographiques citées :

Naito, M., Tajima, A., Yasuda, Y., & Kuwana, T. (1994). Preservation of chick primordial germ cells in liquid nitrogen and subsequent production of viable offspring. *Journal of Reproduction and Fertility*, 102, 321-325. <https://doi.org/10.1530/jrf.0.1020321>

van de Lavoie, M.-C., Diamond, J. H., Leighton, P. A., et al. (2006). Germline transmission of genetically modified primordial germ cells. *Nature*, 441, 766-769. <https://doi.org/10.1038/nature04831>

Macdonald, J., Glover, J. D., Taylor, L., et al. (2010). Efficient genetic modification and germ-line transmission of primordial germ cells using piggyBac and Tol2 transposons. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 107, 15317-15322. <https://doi.org/10.1073/pnas.1008097107>

Nakamura, Y., Yamamoto, Y., Usui, F., et al. (2013). Migration and proliferation of primordial germ cells in the early chicken embryo. *Poultry Science*, 92, 1987-1993. <https://doi.org/10.3382/ps.2013-03036>

Sadeghzadeh, F. 2025. CryoStore : Transmission germinale et compétition entre les cellules primordiales germinales endogènes et exogènes. 8ème Journées Techniques inter filières du SYSAAF. Présentation orale, Rennes, 15 octobre 2025

1.1.2.9. Mise au point d'un protocole de cryopréservation des PGCs [CryoStore, MSCA]

Il s'agit dans ce programme d'optimiser les conditions de cryopréservation des cellules germinales primordiales (PGCs) de poulet afin d'améliorer significativement la viabilité cellulaire post-décongélation et leur capacité de reprise de croissance in vitro, avec un objectif cible supérieur à 80 % de survie.

État de l'art :

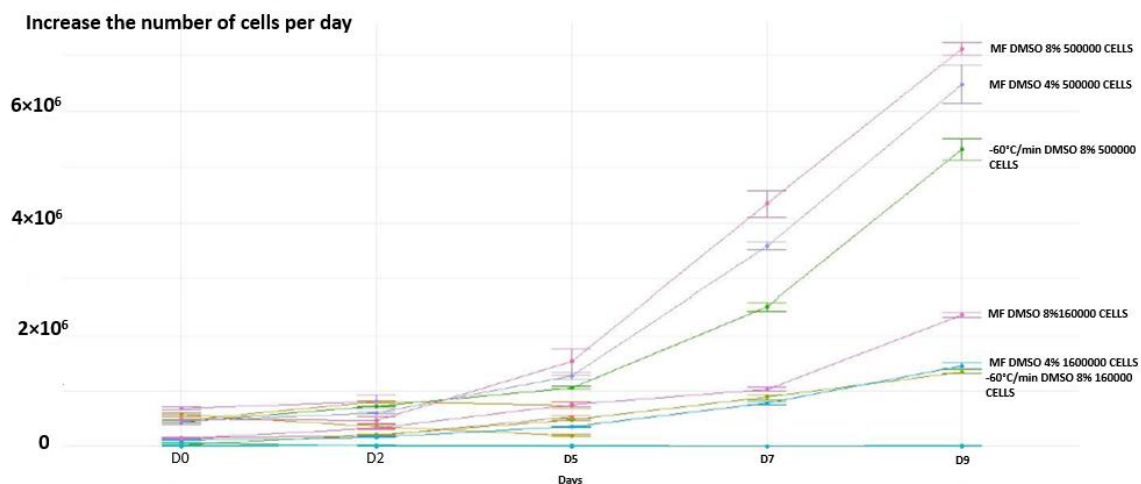
La conservation génétique aviaire repose historiquement sur la cryoconservation de semence, méthode présentant des limites importantes : variabilité des taux de fertilité, perte de l'ADN mitochondrial et impossibilité de préserver les chromosomes sexuels femelles, ainsi que la nécessité de plusieurs générations pour restaurer fidèlement une lignée (Blesbois, 2011 ; Moore et al., 2006). La cryoconservation des cellules germinales primordiales (PGCs) constitue une alternative permettant de préserver l'intégralité du génome diploïde des deux sexes et d'obtenir une restauration en une génération via la chimérisation germinale (Pain et al., 2015 ; van de Lavoie et al., 2006). Néanmoins, la littérature souligne une forte variabilité des protocoles selon la concentration en cryoprotecteur, la densité cellulaire et les vitesses de refroidissement, sans standardisation robuste pour un déploiement industriel (Whaley et al., 2021 ; Ichikawa & Horiuchi, 2023).

Aléas, incertitudes scientifiques et verrous technologiques :

Les principaux verrous identifiés concernent la toxicité dose-dépendante des cryoprotecteurs, la formation de cristaux de glace intracellulaire, l'hétérogénéité de réponse cellulaire selon la densité de congélation, la maîtrise des vitesses de refroidissement et de réchauffement, ainsi que le maintien de la capacité de prolifération post-décongélation. Ces verrous s'inscrivent dans l'hypothèse bi-factorielle de Mazur décrivant l'équilibre entre dommages osmotiques et formation de glace intracellulaire (Mazur, 2004 ; Raju et al., 2021).

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Des expérimentations comparatives ont été conduites sur cultures de PGCs de poulet afin d'évaluer l'effet combiné de trois paramètres : type de cryoprotecteur (DMSO 4 %, DMSO 8 %, glycérol 10 %), densité cellulaire (160 000, 500 000, 750 000 cellules) et vitesse de congélation (-6 °C/min, -60 °C/min, dispositif Mister Frosty). Les résultats ont montré que l'utilisation du dispositif Mister Frosty associée à du DMSO 4 % ou 8 % avec une densité de 500 000 cellules permettait d'atteindre des viabilités supérieures à 90 % après 9 jours de culture, en cohérence avec les données récentes de la littérature (Fig. 1) (Whaley et al., 2021 ; Hamai et al., 2023). À l'inverse, l'utilisation de glycérol 10 % a conduit à une viabilité inférieure à 5 %, contrastant avec certains protocoles décrits antérieurement (Chalah et al., 1999).



Viabilité et reprise de croissance des PGCs après congélation - décongélation dans différentes conditions

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces travaux ont permis d'identifier un protocole reproductible et transférable pour la cryoconservation des PGCs, réduisant les risques de perte génétique en cas d'épizootie ou d'aléa zootechnique. L'intérêt pour la filière avicole réside dans la capacité à restaurer rapidement une lignée complète à moindre coût, tout en sécurisant la biodiversité génétique et les souches industrielles.

Valorisation, diffusion scientifique et technique :

Les résultats ont été intégrés dans des rapports techniques internes, présentés lors de réunions scientifiques et utilisés comme base de réflexion pour des projets européens en cours sur la cryoconservation des ressources génétiques animales.

Références bibliographiques citées:

- Blesbois, E. 2011. Freezing avian semen. *Avian Biology Research* 4(2):52–58.
- Moore, D. T., P. H. Purdy, and H. D. Blackburn. 2006. A method for cryopreserving chicken primordial germ cells. *Poultry Science* 85:1784–1790.
- Ichikawa, K., and H. Horiuchi. 2023. Fate decisions of chicken primordial germ cells (PGCs): Development, integrity, sex determination, and self-renewal mechanisms. *Genes* 14:612.

Hamai, N., C. Koide, Y. Tansho, Y. Ooka, M. Hirano, E. Fatira, M. Tsudzuki, and Y. Nakamura. 2023. Development of cryopreservation media for the slow-freezing of cultured primordial germ cells in chicken. *Journal of Reproduction and Development* 69:94–102.

Pain, B., et al. 2015. In vitro generation and characterization of chicken long-term germ cells from different embryonic origins. *Stem Cells and Development* 24:225–237.

van de Lavoie, M. C., et al. 2006. High-grade transgenic somatic chimeras from chicken embryonic stem cells. *Mechanisms of Development* 123:31–41.

Mazur, P. 2004. Principles of cryobiology. In: *Life in the Frozen State*. CRC Press, Boca Raton, FL. pp. 3–65.

Whaley, A. M., et al. 2021. Long-term preservation of poultry genetic resources using primordial germ cells.

Chalah, T., J. P. Seigneurin, and E. Blesbois. 1999. In vitro comparison of fowl sperm viability in ejaculates frozen by different techniques and relationship with fertility.

1.1.2.10. Restauration de la lignées X33 à partir de trois génotypes hôtes différents [CryoStore MSCA]

L'objectif est d'optimiser le protocole de restauration complète de lignées avicoles à partir de cellules germinales primordiales (PGCs) en injectant des PGCs de la lignée INRAE-X33, choisie à titre de modèle de lignée à restaurer, dans trois hôtes génétiquement distincts (type chair, type ponte et race locale), afin d'identifier l'hôte présentant la meilleure transmission germinale. L'objectif est d'améliorer l'efficacité de restauration des lignées conservées sous forme de PGCs, dans une approche non transgénique compatible avec un transfert opérationnel en filière.

État de l'art :

La conservation des ressources génétiques avicoles repose historiquement sur la cryoconservation de la semence. Cette approche ne permet toutefois pas une restauration génétique complète, du fait de l'absence de transmission du chromosome W et de l'ADN mitochondrial. Les cellules germinales primordiales (PGCs), présentes au stade embryonnaire précoce (HH14–17), constituent aujourd'hui la seule méthode permettant une restauration intégrale des lignées (van de Lavoie et al., 2006 ; Nakamura et al., 2010). Cependant, la transmission germinale des PGCs injectées dans des hôtes est hautement variable et dépend du génotype de l'hôte et des interactions donneur–hôte (Woodcock et al., 2019).

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

La principale incertitude concerne la variabilité de la transmission germinale des PGCs injectées selon le génotype de l'hôte. Les aléas identifiés incluent la compétition avec les PGCs endogènes, la variabilité inter-individuelle de colonisation des gonades et l'efficacité de production de gamètes dérivés des PGCs donneuses. Il s'agit d'un verrou biologique et non technologique.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Des PGCs de la lignée X33 marquées GFP ont été amplifiées in vitro puis injectées dans des embryons appartenant à trois types d'hôtes: type chair, type ponte et race locale. L'injection a été réalisée à raison de 1 µL de suspension cellulaire contenant 5 000 PGCs/µL par embryon. Les individus chimères obtenus ont été élevés jusqu'à maturité sexuelle et la transmission germinale a été évaluée par quantification du signal GFP dans la semence par PCR en temps réel. Les résultats montrent non seulement une forte variabilité inter-individuelle, mais également une variabilité intra-individuelle. En effet, chez un même animal, la teneur en GFP peut varier d'un éjaculat à l'autre. Cette variabilité s'explique par le mode de production spermatique chez le coq: la semence est issue de vagues successives de spermatozoïdes provenant de différentes régions des testicules. Or, ces régions ne sont pas colonisées de manière homogène par les PGCs X33 marquées GFP, ce qui entraîne une contribution variable des cellules donneuses selon le compartiment testiculaire mobilisé au moment de l'éjaculation. L'analyse quantitative par qPCR permet ainsi d'identifier et de sélectionner les individus,

et plus précisément les périodes d'éjaculation, présentant la plus forte proportion de spermatozoïdes dérivés des PGCs X33. Cette stratégie de sélection dynamique optimise la probabilité de transmission germinale donneuse et augmente le pourcentage de restauration de la lignée X33.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces travaux permettent d'identifier les hôtes les plus performants pour la restauration de lignées conservées sous forme de PGCs, de sécuriser les stratégies de conservation génétique complète et d'améliorer la prédictibilité des taux de restauration.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Aucune valorisation externe à ce stade. Résultats seront intégrés au projet RESIGEN est discuté de façon globale.

Références bibliographiques citées :

Van de Lavoir, M. C., et al. (2006). Germline transmission of genetically modified primordial germ cells. *Nature*, 441, 766–769.

Nakamura, Y., et al. (2010). Germline replacement by transfer of primordial germ cells in chickens. *PNAS*, 107, 17785–17790.

Woodcock, M. E., et al. (2019). Sterile surrogate hosts improve germline transmission. *PNAS*, 116, 20974–20979.

1.2. La gestion de la diversité intra race ou intra lignée

La gestion de la diversité intra race passe par la maîtrise des accouplements, le contrôle de la parenté et de la consanguinité. Si cette maîtrise a longtemps été atteinte grâce à la gestion pedigree des populations en sélection, cette solution n'a pas ou n'est pas encore utilisable pour toutes les espèces ou tous les systèmes d'élevage. L'autre solution qui existe depuis quelques années maintenant consiste à développer des panels d'assignation via notamment l'utilisation de SNP (Single Nucleotide Polymorphisms). En fonction des espèces et des races ce développement s'avère plus ou moins complexe et long. Ces panels, au-delà de la gestion de la variabilité, peuvent aussi être utilisés à d'autres fins comme l'identification raciale.

Ainsi, en 2025, la recherche de marqueurs SNP a été déployée pour un programme de sauvegarde de l'outarde canepetière ainsi que pour caractériser l'origine des produits Label Rouge.

1.2.1. Mise en place de panel d'assignation ou d'outils génomiques pour la gestion des lignées et races

1.2.1.1 Gestion de la diversité génétique des populations sauvages et captives d'Outarde canepetière [GenOut Fond Vert]

Afin d'utiliser à terme des marqueurs moléculaires pour gérer la diversité génétique des reproducteurs captifs de l'outarde canepetière, le projet GENOUT dans sa première phase vise à créer un panel d'assignation de parenté de cette espèce. Ce panel pourra également être utilisé pour apprécier la structure génétique des populations sauvages.

État de l'art :

L'Outarde canepetière (*Tetrax tetrax*) est un oiseau classé comme « quasi-menacé » par l'UICN et comme « vulnérable » à l'échelle française. Les principales menaces identifiées dans la littérature sont l'intensification des pratiques agricoles (disparition des jachères, fauches précoces, homogénéisation

des paysages), le développement d'infrastructures linéaires (routes, voies ferrées) et l'urbanisation, qui entraînent fragmentation et dégradation de l'habitat (Poirel et al., 2020). En France, l'aire de répartition est aujourd'hui disjointe, avec une population sédentaire d'environ 2 000 mâles chanteurs sur le pourtour méditerranéen et une population migratrice estimée à environ 300 mâles chanteurs dans les plaines agricoles du Centre-Ouest (données issues des suivis nationaux coordonnés par les structures de conservation). Le déclin marqué de cette dernière a conduit à la mise en place de deux programmes d'élevage conservatoire : le centre Zoodyssée et la Réserve zoologique de la Haute-Touche. Ces structures recueillent des nichées menacées en milieu naturel, notamment pour limiter la prédation et les pertes liées aux pratiques agricoles, élèvent les jeunes en captivité et maintiennent un cheptel reproducteur destiné à soutenir les effectifs par renforcement de population. Dans ce contexte, l'optimisation de la gestion génétique du cheptel reproducteur constitue un enjeu majeur. Le développement d'outils moléculaires adaptés apparaît donc comme un préalable indispensable à la mise en œuvre d'une gestion génétique fondée sur des données objectives (parentés, diversité intra- et inter-cohortes, structuration), au service de la conservation à long terme de l'espèce.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Le projet implique de nombreux acteurs engagés dans le Programme national d'actions en faveur de l'Outarde canepetière. Cette diversité de partenaires constitue un atout, mais représente également un aléa organisationnel nécessitant une coordination rigoureuse et une harmonisation des protocoles de collecte et de gestion des échantillons. Sur le plan scientifique, le projet comprend un volet exploratoire d'extraction d'ADN à partir de plumes collectées sur le terrain. La faible quantité et la possible dégradation de l'ADN dans ce type d'échantillons impliquent un risque d'échec non négligeable et nécessitent une phase préalable d'optimisation des protocoles.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Des extraits d'ADN étaient déjà disponibles au sein du laboratoire CEBC du CNRS de Chizé (79). Deux pools d'ADN, regroupant chacun dix individus différents (un pool femelle et un pool mâle), ont été envoyés pour séquençage au laboratoire Genoscreen. Les résultats du séquençage ont été récupérés et l'analyse aura lieu dans les premières semaines de 2026, avec l'ambition de sélectionner 192 SNP candidats.

En parallèle, toutes les membranes coquillières issues d'œufs éclos au centre Zoodyssée ont été collectées. L'ADN issu de ces membranes coquillières sera extrait au début de l'année 2026. Le niveau de polymorphisme des SNP sera apprécié au sein de cette population. Des plumes récoltées sur le terrain ont également été recueillies par les bénévoles des associations impliquées dans le projet (Ligue de Protection des Oiseaux, Groupe Ornithologique des Deux-Sèvres). Quelques essais ont été menés par l'INRAE, également impliqué dans le projet, afin de tenter d'extraire l'ADN à partir de ces plumes. À ce jour, ces essais se sont révélés infructueux. Les plumes sont donc conservées à température ambiante, et des adaptations des protocoles d'extraction seront apportées.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Cette étude va nous permettre d'exporter nos connaissances en gestion génétique des populations de volailles d'élevage vers le contexte de la réintroduction d'oiseaux sauvages. D'autres populations d'oiseaux, ou plus largement d'animaux sauvages, font ou feront l'objet de programmes de réintroduction (vison d'Europe, rapaces). Nos compétences pourront être déployés dans le cadre de ces programmes s'il nous en est fait la demande. Le développement de protocoles d'extraction d'ADN à partir de plumes pourra également être utilisé dans le cadre de la gestion génétique de poules de races locales.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Deux présentations orales du projet ont eu lieu dans le courant de l'année 2025 :

- Rouger, R. – 2025- GenOut : Gestion de la diversité génétique des populations sauvages et captives d'Outarde canepetière. Rencontres Outarde Centre-Ouest 11/03/2025

- Rouger, R. – 2025- GenOut : Gestion de la diversité génétique des populations sauvages et captives d’Outarde canepetière. Journées Techniques Interfilières du SYSAAF 15/10/2025

Références bibliographiques citées :

Poirel, C., Dalloyau, S., Villers, A., Boudarel, P., Wolff, A., Bizet, D., Menard, C., Bretagnolle, V., Devoucoux, P., 2020. 3eme plan national d’actions en faveur de l’Outarde canepetière (Tetrax tetrax), 2020-2029. Accessible en ligne : <https://www.lpo.fr/la-lpo-en-actions/conservation-d-especes-menacees/plans-nationaux-d-actions/pna-en-faveur-de-l-outarde-canepetiere> (Référence du 05/03/2026)

1.2.1.2. Développement d'une méthode moléculaire de certification des lignées Label Rouge de poulets de chair [INTAQT H2020]

Le programme européen INTAQT cherche notamment à développer un test statistique sur la base de marqueurs moléculaires permettant de contrôler l’appartenance d’un produit à un croisement terminal éligible au Label rouge.

État de l’art :

Les lignées de poulets de chair utilisables dans le cadre d’une production Label Rouge sont listées dans un répertoire édité par l’Institut National de l’Origine et de la Qualité (INAO, 2024). L’appartenance d’un produit à une lignée certifiable est garantie par une chaîne de traçabilité partant des cheptels de sélection jusqu’au produit terminal. Pour l’heure, aucun test ne permet de vérifier l’intégrité de cette chaîne de traçabilité, c’est-à-dire de vérifier qu’un produit vendu sous Label Rouge appartient bien à un croisement éligible.

Les outils moléculaires modernes permettent de développer ce type de test. Une puce de génotypage publique (Tixier-Boichard *et al.*, 2022) sera utilisée pour caractériser les lignées parentales. Ces données seront ensuite utilisées dans le cadre d’un test d’exclusion moléculaire (Manel *et al.*, 2005) afin de pouvoir certifier l’appartenance, ou non, d’un produit à un croisement terminal Label Rouge. Le projet européen INTAQT a constitué par ailleurs une banque d’échantillons d’origines diverses qui pourront être utilisés pour tester cette méthode.

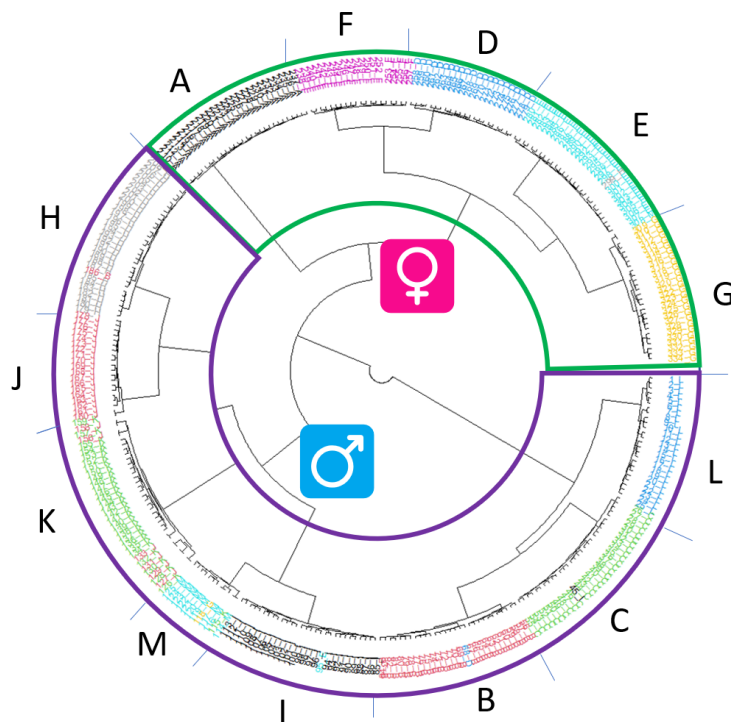
En première phase de ce projet, les entreprises de sélection productrices de parentales Label Rouge, SASSO et Hubbard, ont donné leur accord quant à la fourniture d’échantillons pour ce projet.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

La chaîne logistique jusqu’à l’obtention des résultats de génotypage compte de nombreux acteurs. (transfert des échantillons de la part des sélectionneurs, mise en plaque et transfert au laboratoire de génotypage, extraction d’ADN et génotypage). Il est nécessaire de garantir la traçabilité et la qualité des échantillons tout au long de cette chaîne.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les génotypes de l’ensemble des animaux appartenant aux lignées parentales Label Rouge ont été analysés au début de l’année 2025. Une première analyse de la structure génétique a mis en évidence une différenciation marquée entre lignées ($F_{ST} = 0,262$; Figure ci-dessous), indiquant un niveau de structuration génétique élevé. Cette structuration constitue un prérequis essentiel pour le développement d’une méthode statistique robuste visant à assigner — ou à exclure — un échantillon d’origine inconnue à un produit terminal donné.



Dendrogramme représentant la structure génétique individuelle des lignées parentales Label Rouge. Les lignées ont été anonymisées (chaque lettre correspond à une lignée distincte). L'arbre a été construit à partir d'une matrice de distances génétiques individuelles (distance de Nei, 1972) calculée sur l'ensemble des génotypes, puis agrégée selon la méthode de clustering hiérarchique de Ward (Ward.D2). Les zones délimitées en violet et vert permettent d'identifier les lignées voies mâles et voies femelles respectivement. NB : bien que représentée comme appartenant à la voie femelle sur cette figure, la lignée F est également utilisée en tant que voie mâle dans la production du croisement AF.

La méthode statistique développée repose sur le calcul de la vraisemblance qu'un génotype donné soit issu d'un croisement entre deux lignées parentales déterminées. Pour chaque croisement autorisé, 1 000 descendants ont été simulés, et leur vraisemblance a été estimée afin de construire des distributions empiriques spécifiques à chaque combinaison parentale. Chaque échantillon candidat est ensuite évalué en comparant son génotype aux distributions attendues pour l'ensemble des croisements autorisés.

La méthode a été validée par assignation en aveugle de 100 génotypes simulés par croisement autorisé. Aucune fausse assignation n'a été observée, et les résultats ambigus se sont limités à des cas impliquant des lignées génétiquement proches. Aucun cas de fausse assignation n'a été observé. Les situations ambiguës se limitent à des configurations impliquant des lignées génétiquement proches. Des tests complémentaires, fondés sur la simulation de croisements non autorisés, ont permis d'évaluer le pouvoir discriminant de la méthode vis-à-vis de scénarios de fraude ou de substitution. Les rares faux positifs identifiés correspondent exclusivement à un cas très spécifique de substitution d'une lignée parentale par une autre lignée présentant une proximité génétique marquée.

La prochaine étape consiste à confirmer les performances de la méthode sur des échantillons réels collectés en abattoir dans le cadre du projet INTAQT. Ces échantillons incluent à la fois des animaux issus de croisements autorisés pour la production de volailles Label Rouge et des animaux provenant de filières standards. Leur acheminement au SYSAAF est prévu au cours du premier semestre 2026 afin de procéder à leur préparation et à leur génotypage, étape indispensable à la validation en conditions opérationnelles.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ce projet permet à la filière de se doter d'un outil de contrôle de l'origine génétique des animaux produits dans le cadre d'une démarche Label Rouge. Le développement et la validation d'une méthode

d'assignation fondée sur les géotypes constituent une avancée pour la traçabilité génétique, en complément des dispositifs documentaires et des contrôles existants. À moyen terme, les techniques d'assignation développées pourraient également être mobilisées afin de sécuriser la génétique des adhérents du SYSAAF, notamment par la constitution d'un catalogue génétique de référence des lignées hébergées au SYSAAF.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ce travail a été présenté à de multiples reprises cette année lors de conférences ou de simples réunions de suivi de projet :

- Rouger, R., Le Bihan Duval, E., Berri, C., 2025. Authentication of chicken strains used for "Label Rouge" Production. INTAQT Annual meeting, 20-22 Mai 2025, Frick, Suisse
- Rouger, R., Le Bihan Duval, E., Berri, C., 2025. A likelihood-based authentication of chicken strains used for 'Label Rouge' production using molecular markers. Egg and Meat Quality Symposium, 14-17 Septembre 2025, Zadar, Croatie.
- Rouger, R., Le Bihan Duval, E., Berri, C., 2025. Authentification des souches de poulets utilisées pour la production Label Rouge à l'aide de marqueurs moléculaires. Journées Techniques Inter-filières du SYSAAF, 15-16 Octobre 2025, Rennes, France.

Un article, support d'une communication orale, a été soumis et accepté lors des prochaines Journées de la Recherche Avicole (18-19 Mars 2026).

Références bibliographiques citées :

INAO, 2024. Répertoire des croisements utilisables pour la production de volailles Label Rouge. 17p.
Tixier-Boichard, M., Peynot, N., Duclos, D., Weigend, S., Monteagudo, L., Martinez, A., Delgado, J.V., Gonzalez Prendes, R., Crooijmans, R., Restoux, G., 2022. Mapping genetic diversity in European gene banks: preliminary results on chickens for the validation of IMAGE001 array. R.F. Veerkamp, Y. de Haas (Eds.), Proceedings of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, WCGALP (2022)
Manel, S., Gaggiotti, O.E., Waples, R.S., 2005. Assignment methods : matching biological questions with appropriate techniques. TREE, 20 (3):136-142

1.2.2. Methode de gestion et selection optimisée adaptée aux espèces, races et lignées de faible effectif – Evolution et maitrise de la diversité génétique intra races ou lignées

Les methodes de génétique classique, les outils moléculaires disponibles et développés pour analyser la parenté intra population, sont ici exploités pour étudier sur différentes populations la variabilité existante ou son evolution.

En 2025, les travaux ont porté sur deux espèces d'insectes et en poissons, sur le saumon atlantique et le bar. Enfin, un projet multi espèce de caractérisation exhaustive des methodes de gestion de la variabilité a démarré afin d'avoir une situation actualisée des methodes et de leur utilisations.

1.2.2.1. Compréhension des mécanismes de sélection sexuelle par une étude d'assignation de parenté chez la mouche soldat noire, *Hermetia illucens*. [BioSexFly Région Centre Val de Loire]

Le SYSAAF en tant que partenaire et prestataire du projet BioSexFly est impliqué dans l'Action 2.3 de la tâche 2 pour la réalisation des analyses génétiques de tests de paternité. Dans ce cadre, le SYSAAF a co-encadré un stage de Master 2 pour la réalisation des principales analyses de cette action. Ce document présente les principaux résultats de stage dont le mémoire complet sera référencé à la fin. Certains résultats ont été masqués pour préserver la confidentialité.

État de l'art :

Pour assurer la viabilité et la productivité à long terme, la gestion de la diversité génétique des populations de mouche soldat noire (*Hermetia illucens*) communément appelée BSF en entomoculture est cruciale afin d'atténuer les effets négatifs de la consanguinité. Récemment, une étude (Muraro et al, 2024) a fourni les premières preuves de polyandrie chez la BSF avec des femelles multi-accouplées pouvant pondre des œufs plusieurs fois, augmentant ainsi la production d'œufs, dans des conditions de reproduction de masse. Chez les espèces polyandres, la compétition entre les mâles pour la paternité de la progéniture se poursuit après la copulation par la compétition de leurs éjaculats pour la fertilisation des ovocytes de la femelle. Chez la BSF, la femelle a une spermathèque complexe dans laquelle le mâle transfère des spermatozoïdes très longs mêlés à des fluides (Munsch-Masset et al, 2023), Chez les espèces polyandres (chez lesquelles la femelle s'accouple avec plusieurs mâles), différents modèles de compétition spermatique prédisent une plasticité adaptative dans la production et l'allocation de spermatozoïdes par les mâles. Ces prédictions ont été récemment testées expérimentalement chez la BSF (Manas et al, 2023 & 2024) et l'objectif de ce projet est de réaliser une étude d'assignation de paternité afin de quantifier les contributions paternelles dans la progéniture des femelles. L'estimation précise des contributions gamétiques maternelles et paternelles, dans chaque descendance de populations de BSF, étant cruciale pour la mise en place de programmes efficaces d'amélioration génétique chez l'espèce.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Les principales incertitudes proviennent des difficultés de génotypage qui peuvent nécessiter comme ce fut le cas ici d'adaptation de protocole (par des traitements RNase des extraits d'ADN).

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les données analysées sont constituées de [redacted] provenant principalement de la colonie expérimentale de l'IRBI. Chaque famille est constituée par une femelle + deux mâles avec une vingtaine de larves échantillonnées aléatoirement au sein de la descendance. Tous les échantillons ont été génotypés avec les 96 marqueurs KASPar développés précédemment chez la mouche soldat noire (Donkpegan et al., 2022). Les données ont été traitées grâce au logiciel Fluidigm SNP genotyping analysis. Avec un seuil fixé [redacted]. Le logiciel APIS (Auto-Adaptive Parentage Inference Software – Griot et al. 2020) développé au SYSAAF a été utilisé pour les assignations de parentés. Comme principaux résultats,

[redacted]. Des corrélations significatives entre taille des individus, durée des accouplements et proportion de descendants ont été identifiées pour les données analysées. Les résultats obtenus dans le cadre de cette étude ont permis de valider le comportement polyandre de la mouche soldat noire qui se traduit dans la descendance des familles analysées. Ainsi, [redacted] présentent une double fécondation.

Répartition des descendants en fonction des pères assignés pour les 29 familles

L'analyse des résultats d'accouplements a également permis de mettre en évidence

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

La compréhension des mécanismes de sélection sexuelle présente un grand intérêt pour la filière BSF dans leurs démarches de développement des lignées génétiques adaptées aux besoins spécifiques des acteurs.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ce travail a été réalisé à dans le cadre d'un stage de M2 : Fasquel B. 2025. Compréhension des mécanismes de sélection sexuelle par une étude d'assignation de parenté chez la mouche soldat noire (*Hermetia illucens* L.). Mémoire de master 2 sciences AETPF, UPJV Amiens.

Références bibliographiques citées :

Muraro, T., Lalanne, L., Pelozuelo, L., Calas-List, D. Mating and Oviposition of a Breeding Strain of Black Soldier Fly *Hermetia illucens* (Diptera: Stratiomyidae): Polygynandry and Multiple Egg-Laying. *J. Insects Food Feed* 2024, 10, 1423–1435.

Munsch-Masset P, Labrousse C., Beaugard L. & Bressac C. 2023. The reproductive tract of the black soldier fly (*Hermetia illucens*) is highly differentiated and suggests adaptations to sexual selection. *Entomologia Experimentalis et Applicata* 171 (11): 857-866. <https://doi.org/10.1111/eea.13358>

Manas F, Labrousse C, Bressac C (2023) Sperm production and allocation respond to perceived risk of sperm competition in the black soldier fly *Hermetia illucens*, *bioRxiv* 2023-06; <https://doi.org/10.1101/2023.06.20.544772>

Manas F, Piterois H, Labrousse C, Beaugard L, Uzbekov R, Bressac C (2024) Gone but not forgotten: dynamics of sperm storage and potential ejaculate digestion in the black soldier fly *Hermetia illucens*, *Royal Society Open Science* <https://doi.org/10.1101/2024.05.31.596011>

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

Griot & al. 2020. APIS : An auto-adaptative parentage inference software that tolerates missing parents. *Molecular Ecology Resources*, 20:579–590

1.2.2.2. Optimisation des méthodes de gestion des populations de chrysopes, *Chrysoperla lucasina* [CONFIDENTIEL]

La société IF TECH produit et commercialise des produits destinés à la protection des cultures. Afin d'assurer son développement, l'entreprise est en cours de construction d'une nouvelle unité de production de chrysopes vertes (*Chrysoperla lucasina*) dans de nouveaux locaux. La production actuelle est de l'ordre de 50 à 100 millions d'œufs par an (10 000 œufs = 1 g). Elle devrait passer entre 100 et 400 milliards par an avec une reproduction en cage plutôt qu'en cylindres. Cependant, IFTECH a observé

C'est dans ce contexte qu'IFTECH a fait appel au SYSAAF afin d'analyser ses pratiques génétiques et proposer d'éventuelles améliorations ou évolutions afin de sécuriser son investissement en production. Les objectifs de l'audit sont les suivants : (1) Analyser les pratiques génétiques de l'entreprise, (2) Proposer un schéma de gestion de la variabilité génétique, (3) Proposer des pratiques en fonction d'éventuels signaux de risques potentiels de consanguinité, et (3) Réduire le coût de production des adultes.

Etat de l'art :

Chrysoperla lucasina est un névroptère largement réparti en Europe, Asie occidentale et Afrique du Nord, appartenant au groupe d'espèces *Chrysope*, connu pour sa complexité taxonomique. L'espèce joue un rôle essentiel en lutte biologique, notamment par la prédation efficace des larves sur les pucerons, ce qui renforce l'intérêt d'une gestion raisonnée de sa diversité génétique. La distinction de *C. lucasina* vis-à-vis des espèces cryptiques proches repose sur des signaux vibratoires de parade, très stables géographiquement, qui constituent un mécanisme important d'isolement reproducteur. Ces chants spécifiques sont aujourd'hui l'un des outils clés pour confirmer l'identité biologique et génétique des individus. L'état des connaissances sur la génétique de *C. lucasina* sont limitées dans la littérature. La plupart des données génétiques et génomiques produites sont essentiellement basées sur les espèces apparentées du genre *Chrysoperla*. Par exemple, une étude portant sur la diversité génétique des espèces de *Chrysopidae* avec des marqueurs microsatellites (SSR) dans la province de Téhéran a révélé des niveaux variables de similarité génétique entre les espèces de *Chrysoperla* pouvant atteindre 73,21 %. (Yari et al. 2014). D'autres marqueurs SSRs ont été rapportés par Barbosa et al (2014) une autre espèce du genre, *Chrysoperla externa*. Tous ces marqueurs SSRs sont transférables à *C. lucasina* car il est démontré la proximité des espèces cryptiques du genre qui ne se distingueraient que par des chants vibratoires de parade nuptiale, soulignant la complexité de l'identification des espèces au sein de ce groupe. Pour ce qui concerne les données de polymorphisme nucléotidique simple (SNP), il n'en existe pas pour *C. lucasina*, bien que des études génomiques sur l'espèce type du genre (*Chrysoperla carnea*) fournissent des informations précieuses sur l'assemblage d'un génome de qualité, avec une taille de génome d'environ 560 mégabases et la présence de 12 985 gènes codant pour des protéines spécifiques (Crowley 2021). Toutes ces études soulignent l'importance de la recherche génomique pour comprendre la diversité et les relations évolutives au sein du genre *Chrysoperla*. Cependant, des analyses génomiques plus ciblées sont nécessaires pour élucider les variations génétiques/génomiques spécifiques chez *C. lucasina* pour la population d'IF TECH en particulier.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Sur la base des résultats issus des travaux issus des deux missions d'audits génétiques réalisées par le SYSAAF auprès d'IF TECH, il ressort que le schéma de gestion actuel de l'entreprise n'intègre pas l'enregistrement de pedigree et donc la non connaissance de l'appareillement intra et intergénération de gestion de ses deux sous-lignées. Nos investigations ont permis d'établir un intervalle de génération de l'ordre de semaines (âge moyen des géniteurs à la reproduction) avec une production cohortes/génération pour les sous-lignées en gestion. Même si ce schéma présente l'intérêt de

sécurisation technique pour la gestion de la variabilité génétique des populations, il est plus demandeur en main d'œuvre et en structures d'élevage, et donc plus coûteux.

Pour cette raison, deux schémas alternatifs ont été proposés : le premier est plus robuste et plus coûteux et donc plus demandeur en main d'œuvre et en structures d'élevage quoique moins important que le schéma actuel avec un roulement par génération; et le deuxième plus allégé et surtout plus optimisé par rapport au schéma actuel, avec un allègement de charges de travail mais toujours avec un petit risque de perte de variabilité (en comparaison avec le premier et le schéma actuel) qui ne sera en aucun cas problématique vu les effectifs de taille efficace. A l'issue de la restitution, semble adaptée et donc retenu pour la situation d'agrandissement d'IFTECH

Pour rappel, les nouvelles conditions d'élevages mises en place dans les nouveaux bâtiments d'IFTECH avec le changement des systèmes de pontes couplées avec la standardisation des conditions environnementales (lumière, humidité relative, température, climatisation) devraient favoriser l'optimisation de l'élevage pour des performances encore plus stables à long terme

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ce travail a permis d'analyser les pratiques génétiques de gestion des populations d'IFTECH de *C. lucasina* et d'identifier les risques de gestion actuelle. Des propositions d'améliorations et d'évolutions ont ensuite été effectuées afin de sécuriser les investissements en production de l'entreprise.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ce travail a été diffusé à IFTECH sous la forme d'un rapport confidentiel.

Références bibliographiques :

Yari, K., Mirmoayedi, A., Marami, M., Kazemi, E., & Kahrizi, D. (2014). Genetic diversity analysis of chrysopidae family (insecta, neuroptera) via molecular markers. *Molecular biology reports*, 41, 6241-6245.

Crowley, L. M., of Oxford, U., Lab, W. W. G. A., of Life, W. S. I. T., & Darwin Tree of Life Consortium. (2021). The genome sequence of the common green lacewing, *Chrysoperla carnea* (Stephens, 1836). *Wellcome Open Research*, 6.

Barbosa, N. C., Freitas, S. D., & Morales, A. C. (2014). Distinct genetic structure in populations of *Chrysoperla externa* (Hagen)(Neuroptera, Chrysopidae) shown by genetic markers ISSR and COI gene. *Revista Brasileira de Entomologia*, 58, 203-211.

1.2.2.3. Détermination de l'origine des saumons Atlantique en montaison sur le bassin Garonne-Dordogne en 2024 [CASDAR]

Il s'agit d'assigner à parenté les saumons échantillonnés en 2024 lors de leur remontée des fleuves Garonne et Dordogne et ainsi déterminer la provenance de ces individus.

État de l'art :

Un échantillonnage de saumons est prélevé chaque année en Garonne-Dordogne pour se reproduire dans les bassins de la pisciculture de restauration écologique de MIGADO à Bergerac. Leur descendance est soit restockée directement dans le milieu, soit envoyée vers d'autres piscicultures jusqu'à ce qu'elle se reproduise à son tour et que les juvéniles participent à l'effort de repeuplement. Une fois leur cycle de vie accompli, ces poissons remontent la Garonne et la Dordogne pour accéder aux frayères et se reproduire. Il s'agit de savoir si ces individus proviennent des reproductions du programme de repeuplement, ou de reproductions du milieu naturel. Les empreintes génétiques sont

utilisées pour répondre à cette question. Ainsi, tous les géniteurs utilisés par MIGADO ont été génotypés par le laboratoire LABOGENA-DNA sur un panel de 16 marqueurs microsatellites. Les saumons échantillonnés en 2024 ont été génotypés sur le même panel par le laboratoire Gentyane. L'assignation à parenté de ces poissons permet de déterminer si les individus proviennent de reproduction dans le milieu naturel (non assignés) ou du programme de restauration (assignés aux géniteurs de pisciculture) (Vandeputte et al., 2021). Le SYSAAF réalise ce travail d'assignation à parenté à l'aide du logiciel APIS (Griot et al., 2019).

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Même si le panel utilisé pour le génotypage est le même entre les potentiels parents et les saumons pêchés en 2024, le laboratoire a changé entre temps. Or tout changement de laboratoire nécessite une harmonisation des lectures d'allèles pour s'assurer d'avoir des génotypes identiques entre les saumons actuels et leurs aïeux déjà génotypés (pour que l'assignation à parenté puisse fonctionner). La « traduction » de ces allèles n'est pas triviale, et peut conduire à affecter de mauvais génotypes, qui pourraient conduire à des mismatches lors de l'assignation, voire à ne pas permettre certaines assignations. En outre, le nouveau laboratoire ayant moins d'expérience dans la lecture des résultats de génotypage, les fichiers de rendu contiennent un peu plus de valeurs manquantes ce qui diminue la puissance d'assignation. De ce fait, le taux de « faux sauvages » (non assignés à des saumons de pisciculture alors qu'ils devraient l'être) pourrait augmenter.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

49 saumons capturés à la montaison en 2024 ont été prélevés pour génotypage et relâchés. L'objectif était de les faire génotyper sur le panel de 16 microsatellites (Gentyane), de « traduire » les allèles à la réception des résultats de génotypage, de contrôler la qualité des génotypes, puis d'assigner à parenté en connaissance des plans de fécondation qui auraient pu conduire à la création de ces saumons migrants. Ceci représente une base de 1400 pères et 2249 mères potentiels pour 3 148 600 croisements (couples) possibles testés.

Un sous-échantillon des 8 marqueurs microsatellites les mieux génotypés (en termes de taux de génotypage) a été retenu pour procéder aux assignations de parentés (afin d'éviter des fichiers d'entrée avec trop de données manquantes qui gênent l'algorithme d'assignation). Une étape de compilation de tous les génotypes (8 marqueurs sur 3698 individus soit 29 584 génotypes) a été nécessaire ainsi qu'un formatage pour satisfaire les conditions d'utilisation du logiciel APIS. APIS a été utilisé avec 5% d'erreur maximal autorisé, à la fois par méthode de maximum de vraisemblance et par méthode d'exclusion.

Seuls 2 individus sur 49 assignent au même couple parental et sans aucun mismatch, avec les deux méthodes d'assignation. De façon certaine, ces 2 individus sont donc des saumons issus du programme de repeuplement de MIGADO. Ensuite, des analyses plus fines des résultats de sortie d'APIS vont permettre de confirmer ou non certaines assignations. Il s'agit d'examiner les nombres de mismatches de chaque proposition d'assignation, la différence de probabilité d'assignation au 1^{er} et 2^{ème} couple les plus probables, la probabilité de transmission mendélienne.

Ce faisant, on aboutit à 12,5% d'assignation. En d'autres termes, 6 saumons en montaison en 2024 proviendraient directement du programme de restauration tandis que 42 proviendraient de reproduction sur les frayères.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces résultats contribuent au suivi sur le long terme de l'efficacité du programme de soutien de la population de saumon dans le bassin Garonne-Dordogne. Ils contribuent également à démontrer l'efficacité d'une telle démarche dans un objectif plus large de suivi de populations en restauration qui pourrait être applicable sur d'autres bassins et/ou d'autres espèces.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces résultats sont transmis à MIGADO et inclus dans leurs rapports d'activité. Ils sont également inclus dans des présentations de colloques de restauration écologique.

Références bibliographiques citées :

Griot, R., Allal, F., Brard-Fudulea, S., Morvezen, R., Haffray, P., Phocas, F., Vandeputte, M., 2019. APIS: an auto-adaptive parentage inference software that tolerates missing parents. *Mol Ecol Resour*, 00:1-12.

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

1.2.2.4. Optimisation des plans de croisements chez le bar maximisant la diversité [SEPIAA France 2030]

L'objectif est d'explorer les possibilités de plan de croisement qui pourraient maximiser la diversité d'une population de bar en sélection génomique en cohorte chevauchante (femelles à 4ans se reproduisent avec les males à 3ans) sans diminuer le gain génétique.

État de l'art :

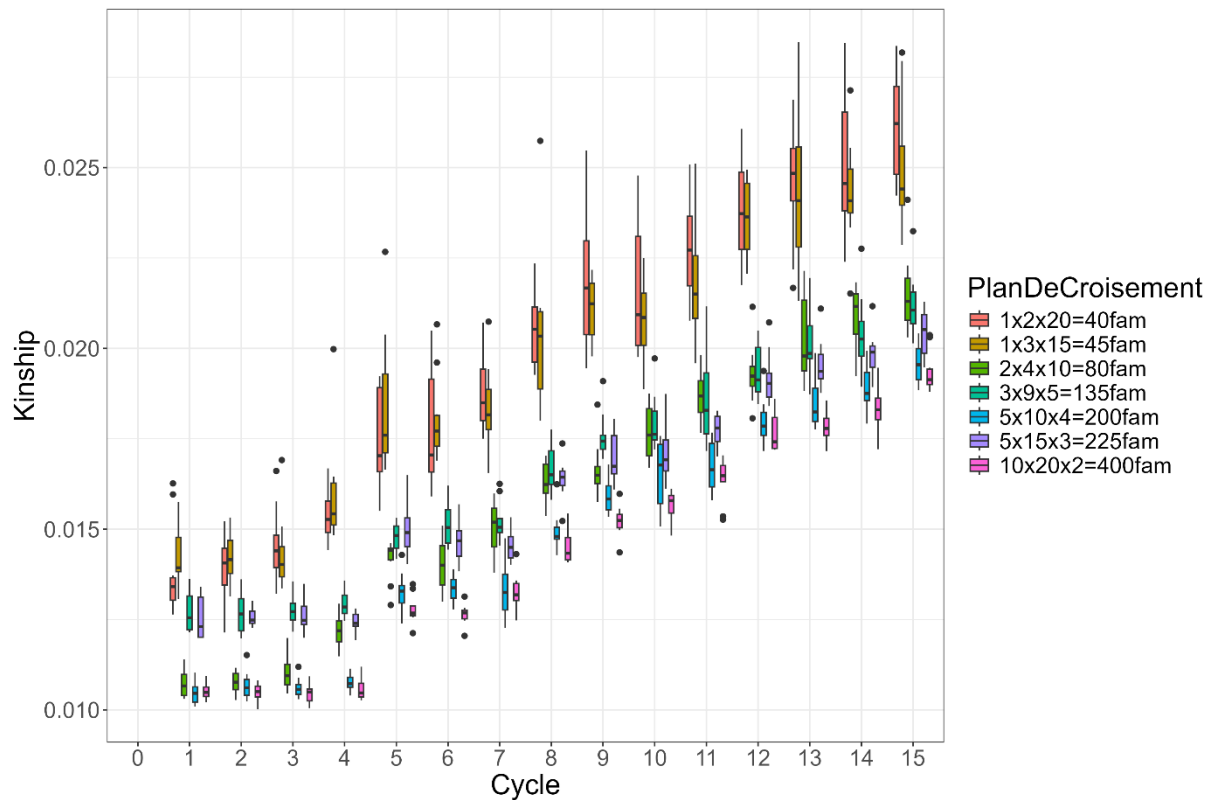
Pour l'instant, le plan de croisement est un plan de croisement en factorielle 5 femelles x 15 males x 3 factorielles. Ce type de plan de croisement a été réfléchi pour maximiser le nombre de famille en limitant l'apparentement de la population pour une sélection généalogique (BLUP). Il existe donc peut être de meilleur plan de croisement pour de la sélection génomique.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

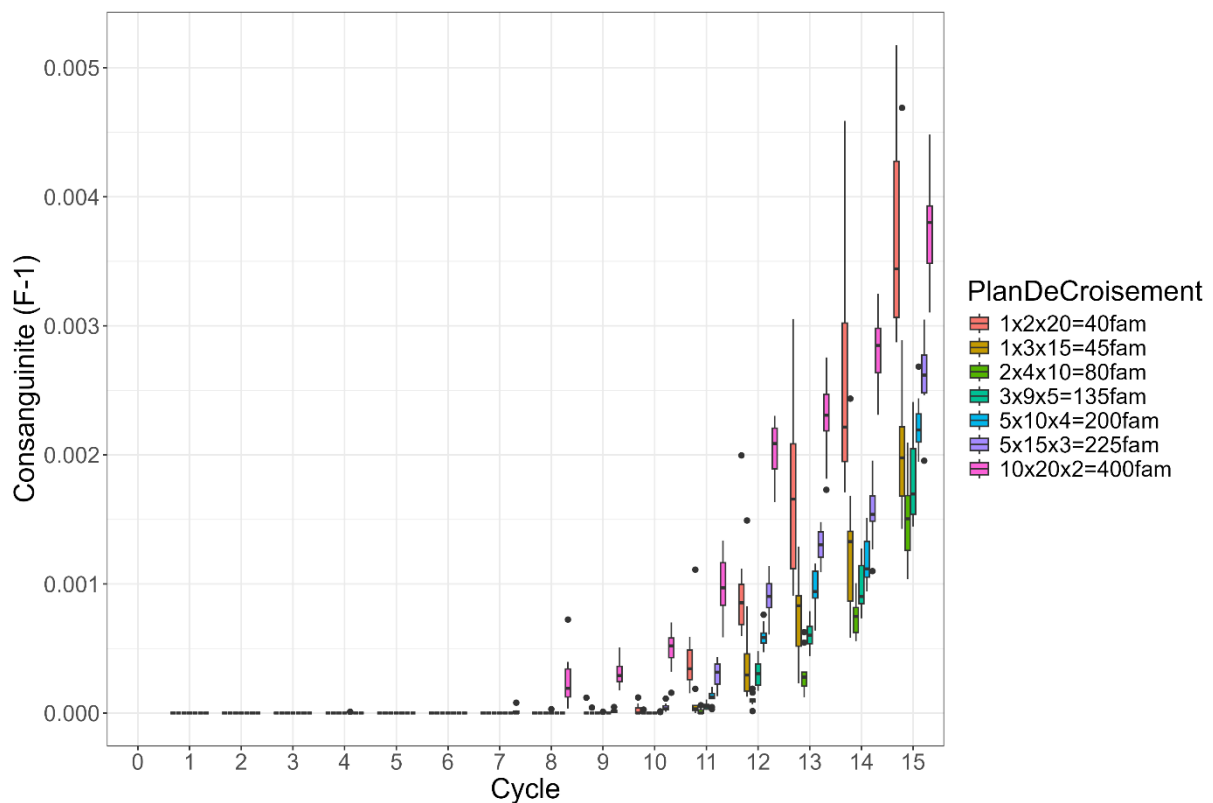
Le principal verrou est l'utilisation du logiciel interne d'optimisation des plans de croisement (OptiFacto) qui ne permet que des reproductions en factorielle. Il faudrait réadapter cet outil à tout type de plan de croisement pour élargir les possibilités de choix du plan de croisement.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Un schéma de sélection type bar avec 4 cohorte chevauchante a été simulé avec une phase de sélection massale dont la corrélation génétique avec le caractère d'intérêt est de 0.5 (héritabilité de 0.3 pour le caractère en sélection massale et 0.4 pour le caractère d'intérêt). Malgré la limite d'OptiFacto, 7 plans de croisement différents ont été testés à nombre de père et mère équivalent : 10x20x2 ; 1x2x20 ; 1x3x15 ; 2x4x10 ; 3x9x5 ; 5x10x4 ; 5x15x3. L'apparentement, la consanguinité, ainsi que les variances et valeurs génétiques d'un caractère sélectionné sur collatéraux ont été suivis sur 15 générations par simulation (10 répétitions). Un outil de gestion de l'apparentement et un outil de gestion de la consanguinité sont utilisés pour le choix des reproducteurs et le choix des accouplements.



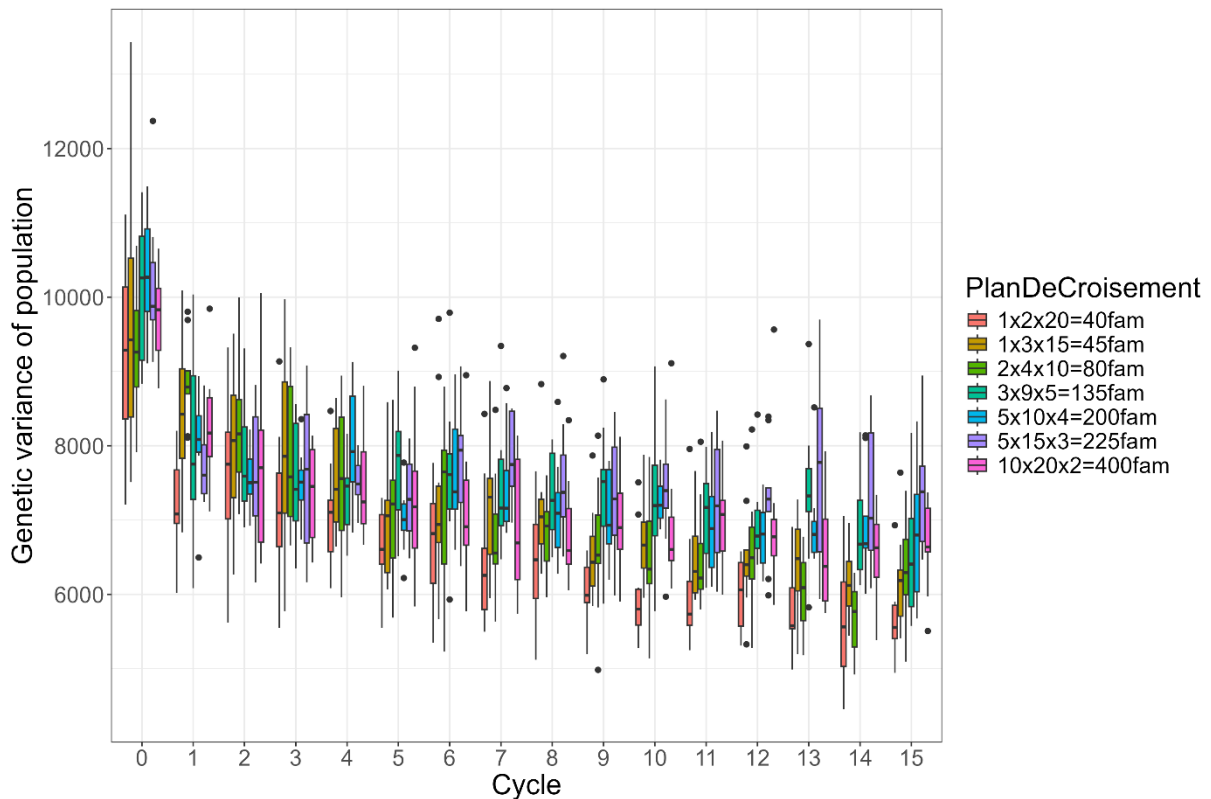
Apparentement moyen au cours des générations de sélection en fonction du plan de croisement



Consanguinité moyenne au cours des générations de sélection en fonction du plan de croisement

L'apparentement et la consanguinité n'ont pas le même comportement au regard du nombre de famille produite (Figures). L'apparentement augmente d'autant plus que peu de familles sont produites. Les croisements avec 40 et 45 familles sont largement au-dessus des autres en termes

d'apparentement. Cependant, pour la consanguinité, les plans de croisement produisant le plus de famille et ceux produisant le moins de famille sont ceux qui produisent le plus de consanguinité. Il semble qu'un nombre de famille intermédiaire soient les croisements qui produisent le moins de consanguinité.



Valeur génétique du caractère sélectionné sur collatéraux au cours du temps en fonction des plans de croisement

De plus, les valeurs génétiques du caractère sélectionné sur collatéraux ne sont que très peu impactés par les différents plans de croisement testés (uniquement 1x2x20 semble avoir un gain significatif par rapport aux autres) (Figure ci-dessus). Cependant, en conséquence d'un nombre de famille produite amoindrie par certains plans de croisement, la variance génétique de ce caractère est fortement diminuée ce qui va produire une baisse progressive du gain plus rapide qu'avec des plans de croisement produisant plus de famille.

Enfin, le nombre de famille produite n'est plus aussi important que lorsque les programmes étaient en sélection sur pedigree pour produire du gain génétique.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Les plans de croisement, *i.e.* la dernière étape du processus de sélection, joue tout de même un rôle majeur. En effet, mal géré, il peut entrainer de forte augmentation de consanguinité et d'apparentement qui peuvent mener à des populations moins résilientes et produisant un gain amoindri.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Restitution à venir aux adhérents.

1.2.2.5. Approches de la diversité génétique et de sa mesure intra-population [Programme GIS Avenir-Elevages - CASDAR]

La visualisation et la gestion de la diversité intra race, lignée population, quelle que soit l'espèce utilisent de nos jours de nombreuses méthodes issues des connaissances de la génétique des populations, de la génétique quantitative ou de la génétique à divers échelons moléculaires. Cependant les connexions entre les différentes méthodes sont souvent mal connues ou peu maîtrisées et les nouvelles méthodes ont jusqu'à présent peu été implémentées. L'objectif est donc de progresser dans la connaissance des méthodes et dans leur utilisation, dans le cas du SYSAAF pour l'ensemble des espèces de son périmètre.

État de l'art :

Plusieurs actions ont été mises en place durant les dernières décennies pour tenter de faire l'inventaire et de mieux connaître les ressources génétiques animales ainsi que de caractériser et de gérer leur diversité génétique.

Un inventaire de la diversité génétique est réalisé au niveau mondial à travers le plan d'action mondial pour les ressources zoo-génétiques, élaboré et adopté en 2007 par les pays membres de la FAO. Ce plan d'action est placé sous la responsabilité de chaque état, la FAO ayant un rôle de coordination et de surveillance de la mise en œuvre du plan (FAO, 2025).

La caractérisation de la diversité génétique intra-population peut s'obtenir à partir de différents indicateurs classiquement basés sur les effectifs de reproducteurs et les données généalogiques : effectif efficace de la population, évolution du coefficient de consanguinité généalogique, probabilités d'origine des gènes (*e.g.* Jacques, 2023). Le développement des technologies génomiques depuis une trentaine d'années a permis d'enrichir de façon importante les indicateurs de diversité génétique, dans un premier temps à partir de marqueurs microsatellites (*e.g.* Laval et al., 2000), puis des puces SNP (*e.g.* Woolliams and Oldenbroek, 2017). Les taux d'hétérozygotie ou la consanguinité sont aussi estimés à partir de la détection d'îlots d'homozygotie (ou ROH = « Runs of homozygosity ») à l'échelle du génome. Ces méthodes sont maintenant assez largement adoptables grâce à la baisse des coûts. De plus, cela permet de s'affranchir des pedigrees, qui pour certaines races, notamment menacées, peuvent être incomplets. Finalement, les analyses de diversité ne se font plus seulement à l'échelle des individus mais peuvent caractériser la diversité le long du génome afin de détecter des régions d'intérêt (ex : gènes favorables) ou à surveiller (ex : anomalies génétiques). Au-delà d'évaluer seulement la diversité génétique intra-population, les outils moléculaires permettent aussi d'établir les liens génétiques entre populations ouvrant la voie à l'étude de l'histoire évolutive des populations, la détection de signatures de sélection et les mécanismes d'adaptation. Plus récemment, les travaux sur les pangénomomes permettent d'approfondir encore la connaissance de la diversité génétique en mettant en évidence des variations structurales entre individus ou entre populations qui jusqu'à lors étaient ignorées bien qu'elles soient susceptibles d'avoir un impact fort sur les capacités adaptatives (*e.g.* Sorin et al., 2025).

La gestion de la diversité dans une population animale repose sur l'obtention d'effectifs efficaces permettant de minimiser les pertes de diversité (voire les risques d'extinction pour les petites populations) via le choix et l'utilisation raisonnée des reproducteurs au sein de plans d'accouplements permettant d'éviter l'accroissement de la consanguinité, tout en maintenant le progrès génétique pour les populations sélectionnées. Ceci repose sur l'optimisation de la contribution des reproducteurs. Deux principales méthodes de gestions des contributions sont aujourd'hui utilisées : la sélection avec contributions optimales (ou OCS pour « optimal contribution selection ») - (*e.g.* Meuwissen, 1997); , qui maximise la réponse à la sélection pour un accroissement de consanguinité fixé, et la sélection à parenté minimale (SPM - (Colleau et al., 2004), qui minimise l'accroissement de la consanguinité pour un niveau de réponse à la sélection fixé. Ces méthodes ont été adaptées pour intégrer des informations génomiques lorsque celles-ci sont disponibles. D'autres méthodes sont basées sur la prise en compte d'indices de diversité ou d'originalité génétique dans les objectifs de sélection ou plans d'accouplements.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

L'année 2025 a été consacrée à définir entre l'ensemble des filières animales concerné, les objectifs et le programme de travail le plus précisément possible. Plusieurs réunions de groupe de travail ont donc permis d'aboutir à une note d'objectif sur ce programme qui doit débiter en 2026.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Les intérêts au terme de ce programme pour les filières génétique sont importants, car le programme doit permettre d'offrir aux acteurs des schémas de sélection des éléments de décision quant à l'utilisation de nouvelle méthode de gestion de la variabilité génétique

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Pas de valorisation à ce stade.

Références bibliographiques citées :

Colleau J.-J., Moureaux S., Briand M., Bechu J., 2004. A method for the dynamic management of genetic variability in dairy cattle. *Genet. Sel. Evol.* 36, 373. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-36-4-373>

FAO, 2025. A global policy for Animal Genetic Resources [WWW Document]. www.fao.org. URL <https://www.fao.org/animal-genetics/global-policy/en/> (accessed 8.29.25).

Jacques A., 2023. Introduction de diversité génétique dans les populations animales à partir de collections cryoconservées (PhD dissertation). Université Paris-Saclay, Saclay, France.

Laval G., Iannuccelli N., Legault C., Milan D., Groenen M.A., Giuffra E., Andersson L., Nissen P.H., Jørgensen C.B., Beeckmann P., Geldermann H., Foulley J.-L., Chevalet C., Ollivier L., 2000. Genetic diversity of eleven European pig breeds. *Genet. Sel. Evol.* 32, 187. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-32-2-187>

Meuwissen T.H.E., 1997. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.* 75, 934–940. <https://doi.org/10.2527/1997.754934x>

Sorin V., Naji M.M., Birbes C., Grohs C., Escoufflaire C., Fritz S., Eché C., Marcuzzo C., Suin A., Donnadiou C., Gaspin C., Iampietro C., Milan D., Drouilhet L., Tosser-Klopp G., Boichar, D., Klopp C., Sanchez M.-P., Boussaha M., 2025. Application of a French cattle pangenome, from structural variant discovery to association studies on key phenotypes. *bioRxiv* 2025.04.15.648672. <https://doi.org/10.1101/2025.04.15.648672>

Woolliams J.A., Oldenbroek J.K., 2017. Chapter 1. Genetic diversity issues in animal populations in the genomic era. Wageningen Academic, Leiden, The Netherlands, pp. 13–47. https://doi.org/10.3920/978-90-8686-850-6_1

AE 2 : Etude de phénotypes à objectif « agroécologique » pour leur implémentation dans les programmes de sélection dans un contexte de changement climatique

L'objectif général de cette Action Élémentaire est de préparer l'introduction de nouveaux phénotypes, à caractère « agroécologique », dans les programmes de sélection (de la mise en place des mesures terrains jusqu'au calcul des paramètres génétiques ou l'isolement de gènes) dans un contexte d'adaptation au changement climatique. Il s'agit en effet de faire évoluer les schémas de sélection des espèces avicoles, aquacoles et entomocoles, pour les adapter à ces futurs contextes de production. Ainsi, il convient aujourd'hui de poursuivre, d'intensifier, les travaux sur des phénotypes en relation avec le BEA (Bien Être Animal), le comportement ou les déviations de comportement, ou d'adapter les schémas de sélection aux contraintes réglementaires en matière de BEA qui vont progressivement s'appliquer. Le changement climatique impose de travailler plus intensément sur des critères de robustesse, résilience, résistance aux maladies, afin de proposer des animaux mieux adaptés aux nouvelles conditions d'élevages, au changement des environnements, mais aussi de travailler sur les rejets et l'efficacité alimentaire dans un but atténuation autant que possible du changement climatique. Enfin, les objectifs de sélection des animaux de demain doivent être raisonnés dans un objectif de qualité des produits, de différenciation, de typicité en accord avec les attentes des consommateurs.

Cette action élémentaire fait en partie appel aux nouvelles technologies développées en permanence par le SYSAAF et ses partenaires.

En 2025, ce chapitre 2 est caractérisé par de nombreux travaux d'optimisation des programmes de sélection par la recherche et l'évaluation de nouveaux caractères de production ou d'adaptation au changement climatique. Ce dernier sujet requiert d'aborder des aspects d'adaptation et d'amélioration de la sélection à l'hyperthermie, mais aussi pour la production de génotypes plus robustes, c'est-à-dire moins sensibles aux pathologies ou moins sensibles aux différentes conditions d'élevage.

Chez l'abeille, 2025 aura été l'occasion de continuer l'optimisation du premier programme de sélection généalogique français pour améliorer la production de miel au cours de la fin de la prestation de service pour le compte de l'ITSAP. Le travail a permis d'estimer pour la 1ère fois l'héritabilité du comportement hygiénique (corrélé à la résistance au varroa) et de la douceur, ces deux caractères n'apparaissant que faiblement corrélés entre eux et à la production de miel. Ces résultats encourageants sont favorables à la continuation de l'investissement collectif initiés par les apiculteurs. Ils montrent aussi que pour certaines filières, le SYSAAF peut aussi contribuer à fédérer des acteurs économiques de tailles limitées dans un objectif économique collectif. Les travaux conduits sur un programme de sélection généalogique pour la production de gelée royale ont permis de préciser l'impact des différences de pratiques de phénotypage en termes de nombre de lattes mesurées ou de délai entre les mesures pour préciser les modèles génétiques les plus adaptés.

L'optimisation de l'efficacité du dispositif de sélection la volaille de Bresse a été investigué par estimation des corrélations génétiques à différents âges et l'intérêt à mesurer les poids au plus proche du poids commercial. Un travail similaire a été initié chez le bar avec production des familles en 2025 pour estimation des corrélations génétiques en 2026.

Chez la truite, l'absence d'effet maternel non génétique dû à l'induction hormonale de la ponte a été démontré pour la 1ère fois sur le taux d'embryonnement.

La présentation des travaux réalisés sur les phénotypes est scindée selon les deux grandes parties composant le chapitre 2. :

- Une approche phénotypique, visant à valider des méthodes de mesures, à réaliser des essais terrains en vue de la préparation de l'étude génétique des phénotypes collectés (chapitre 2.1.) ;
- Une approche génétique, visant à optimiser les schémas de sélection actuels et à évaluer de nouveaux caractères d'intérêt portant sur l'amélioration de la résistance génétique aux pathologies et à l'adaptation au changement climatique dans les objectifs futurs de sélection (chapitre 2.2.).

2.1 Approche phénotypique (essais zootechnique, mesures de phénotypes...)

2.1.1 : Optimisation de protocole de challenge infectieux pour évaluer la résistance de bar à la vibriose [CASDAR]

L'objectif de ce projet est d'améliorer un protocole existant d'épreuve infectieuse à *Vibrio harveyi* un agent bactérien responsable de la vibriose chez le bar commun. Il s'agit de mettre en place un mode de contamination par balnéation en remplacement d'une contamination par injection.

État de l'art :

La plate-forme FORTIOR utilise, depuis sa création, un protocole développé lors du projet ReSist (FUI) par contamination par injection Intra-péritonéale (conformément aux données de la littérature - Xia et al. 2013). Bien qu'efficace et reproductible, cette technique n'est pas représentative d'une contamination naturelle et génère un stress chez les animaux liés à la manipulation et à l'anesthésie nécessaire au protocole.

Chez la truite arc-en-ciel, les épreuves infectieuses bactériennes peuvent aussi être réalisées par balnéation (Moreau et al. 2023, Pouil et al. 2026) et des études montrent la faisabilité d'un tel protocole pour la bactériose à *Vibrio Anguillarum* chez le bar (Sorroza et al. 2012).

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Ce projet est un projet de mise au point de protocole. Les aléas et incertitudes portent sur les paramètres à affiner pour le projet (taille des poissons, densité, souche bactérienne, concentration...) par ailleurs, il a fait l'objet d'une demande d'autorisation auprès du comité n°éthique n°16.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

En 2025, les travaux ont été réalisés avec l'espèce bactérienne *Vibrio Harveyi* dont les challenges avaient été développés au cours du projet ReSist avec un protocole de contamination par injection. Le principal paramètre testé lors de ces travaux est la durée de balnéation, c'est-à-dire, la durée pendant laquelle les animaux sont maintenus dans un volume d'eau fixe hyper-oxygénée et mis en contact avec le pathogène. Quatre durées ont ainsi été testées (4h, 9h 15h et 20h) en triplicata (3 bassins de poissons exposés au pathogène) avec 1 témoin négatif (exposé à une solution stérile) pour chaque durée. Les bassins étaient constitués de 30 poissons chacun pour avoir une densité d'environ 80 kg/m³ lors des balnéation. En parallèle, 2 bassins de poissons ont été contaminés par injection intra-péritonéale (IP) comme témoins positif de la virulence de l'agent pathogène. Le pathogène (*Vibrio Harveyi*) a été administré à une concentration de 1.10⁸ CFU/ml à chaque fois.



Design expérimental réalisé sur le 1er test de contamination de bar par Vibrio Harveyi. Le test s'est déroulé avec 30 poissons par bassin, en triplicat pour chaque durée de balnéation.

Au terme du test, aucune mortalité, ni symptomatologie n'a été enregistrée dans les bassins contaminés par bain alors que l'ensemble des individus contaminés par injection sont morts ou ont été mis à morts dans les 72h suivant la contamination. Un deuxième test a par la suite été réalisé en augmentant le nombre de poissons par bassins mais n'a pas donné de résultats.

Les essais se poursuivront en 2026 avec des tests réalisés sur une autre espèce bactérienne du genre Vibrio.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ce travail permettra de doter la plate-forme FORTIOR Genetics d'un protocole de test infectieux à la vibriose par bain validé. Les entreprises utilisatrices de la plate-forme et souhaitant évaluer la résistance de leur population à la vibriose pourront en bénéficier.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

La présentation des résultats de ce travail sera réalisée soit au travers d'un webinaire ou d'une présentation aux journées techniques du SYSAAF.

Références bibliographiques citées :

Pouil, S., Rigaudeau, D., Lee, BH. *et al.* Remarkable heterogeneity revealed in the genetic architecture of resistance to a key bacterial pathogen in two commercial rainbow trout populations. *BMC Genomics* 27, 49 (2026). <https://doi.org/10.1186/s12864-025-12231-3>

Moreau, S., Pineau, L., Bachelet, F., Rostang, A., Oberlé, K., Calvez, S. Time effect of experimental infection on Rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) by immersion with *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*, *Fish & Shellfish Immunology*, Volume 135, 2023, 108664, ISSN 1050-4648.

<https://doi.org/10.1016/j.fsi.2023.108664>.

Sorroza L., Padilla D., Acosta F., Román L., Grasso V., Vega J., Real F. (2012). Characterization of the probiotic strain *Vagococcus fluvialis* in the protection of European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) against vibriosis by *Vibrio anguillarum*. *Veterinary Microbiology*, 155: 369–373.

Xia JH, Liu P, Liu F, Lin G, Sun F, Tu R, Yue GH. Analysis of stress-responsive transcriptome in the intestine of Asian seabass (*Lateolabrax niloticus*) using RNA-seq. *DNA Res.* 2013 Oct;20(5):449-60. doi: 10.1093/dnares/dst022. Epub 2013 Jun 10. PMID: 23761194; PMCID: PMC3789556.

2.1.2. Etude du comportement de la perdris en fonction de modifications des conditions d'incubation [CASDAR]

L'objectif général du projet vise à analyser, chez la perdris rouge, les impacts des conditions d'incubation sur le développement morpho-physiologique et comportemental de l'individu et d'en

évaluer ses potentielles conséquences adaptatives. Il s'agit à termes de proposer un nouvel outil favorisant la survie en nature des populations élevées en captivité.

État de l'art :

Les individus nés en captivité présentent généralement des performances de survie et de reproduction nettement inférieures à celles des individus sauvages (Fischer & Lindenmayer, 2000). Ces déficits résultent à la fois d'une adaptation génétique au milieu captif (Frankham, 2008 ; Keller et al., 2012) et d'altérations phénotypiques influencées par les conditions d'élevage, incluant des déficits locomoteurs, alimentaires ou antiprédateurs (Rodewald et al., 2011). À l'inverse, l'élevage en présence de parents ou d'oiseaux tuteurs d'apprentissages améliore les compétences comportementales et augmente la survie post-libération (Beani & DessìFulgheri, 1998 ; Ferretti et al., 2012 ; Santilli & Bagliacca, 2019). Au-delà de ces influences postnatales, des effets maternels prénataux jouent également un rôle déterminant. Des travaux récents ont montré que l'exposition parentale à un environnement enrichi ou à des signaux de prédation peut améliorer les compétences exploratoires et antiprédateurs des jeunes chez la caille japonaise et la perdrix rouge (Charrier et al., 2024). Les conditions d'incubation constituent un autre levier potentiellement déterminant mais encore peu exploité. Les modifications du régime thermique, lumineux ou acoustique, ou la fréquence de retournement des œufs, influencent la morphologie, la latéralisation, les comportements sociaux et les réponses anti-prédateurs des oisillons (Riedstra & Groothuis, 2004). Ainsi, l'ensemble des influences prénatales—hormonales et incubatoires—représentent aujourd'hui des outils susceptibles d'améliorer les aptitudes adaptatives et les probabilités de survie en milieu naturel des oiseaux issus de captivité. Leur intégration dans les programmes de conservation apparaît d'autant plus accessible que la majorité des structures d'élevage utilise déjà des systèmes d'incubation artificielle.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

A ce stade, le principal risque d'échec réside dans l'obtention de son financement. D'un point de vue scientifique, les méthodes d'évaluation du comportement de la perdrix ont fait l'objet d'étude préliminaire en 2025 au laboratoire ETOS de l'Université de Rennes en prévision de la réalisation des expérimentations en 2026. L'ensemble des tests a été validé.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Une analyse bibliographique complète, synthétisée dans l'état de l'art, sur les modifications des conditions d'incubations et leur conséquences adaptatives a permis de bâtir un plan d'expérience sur 3 ans incluant des travaux en condition contrôlées de laboratoire puis des essais en couvoir industriel avec GiboVendée.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

L'analyse bibliographique et la transposition des tests comportementaux de la caille vers la perdrix rouge ont permis de sensibiliser la filière oiseaux de repeuplements de l'importance de cette phase d'élevage sur les capacités d'adaptation des jeunes oiseaux.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Pas de valorisation à ce stade.

Références bibliographiques citées :

Beani L., Dessì-Fulgheri F., 1998. Anti-predator behaviour of captive Grey partridges (*Perdix perdix*). *Ethol Ecol Evol.* 10(2): 185–196.
Charrier M., Lumineau S., George I., Meurisse M., Georgelin M., Palme R., Angelier F., Coustham V., Celine Nicolle, Bertin A., Darmaillacq A-S., Dickel L., Guémené D., Calandreau L., Houdelier C. 2024. Maternal stress effects across generations in a precocial bird. *R. Soc. Open Sci.* 11: 231826.
Ferretti M., Falcini F., Paci G., et al. 2012. Captive rearing technologies and survival of pheasants (*Phasianus colchicus* L.) after release. *It J Anim. Sci.*, 11(2): e29.

Fischer J., Lindenmayer D.B., 2000. An assessment of the published results of animal relocations. *Biological Conservation*, 96 (1), 1-11.

Frankham R., 2008. Genetic adaptation to captivity in species conservation programs. *Mol. Ecol.*, 17(1), 325-33.

Keller A., Litzelman K., Wisk L.E., Maddox T., Cheng E.R., Creswell P.D., Witt W.P., 2012. Does the perception that stress affects health matter? The association with health and mortality. *Health Psychol.*, 31(5), 677-84

Riedstra B., Groothuis T.G.G., 2004. Prenatal light exposure affects early feather-pecking behaviour in the domestic chick. *Animal Behaviour*, 67(6), 1037-42.

Rodewald P., Hyvärinen P., Hirvonen H., 2011. Wild origin and enriched environment promote foraging rate and learning to forage on natural prey of captive reared Atlantic salmon parr. *Ecology of freshwater fish*, 20(4), 569-79.

Santilli F., Bagliacca M., 2019. Fear and behavior of young pheasants reared with or without parent figure. *Avian Biol. Research*, 12(1).

2.1.3. Recherche de prédicteurs précoces du picage en poule pondeuse [CASDAR]

Le picage sévère reste un problème persistant en élevage de poule pondeuse. L'objectif est d'identifier des profils tempéramentaux au stade poulette en lien avec le comportement de picage des poules pondeuses en production.

État de l'art :

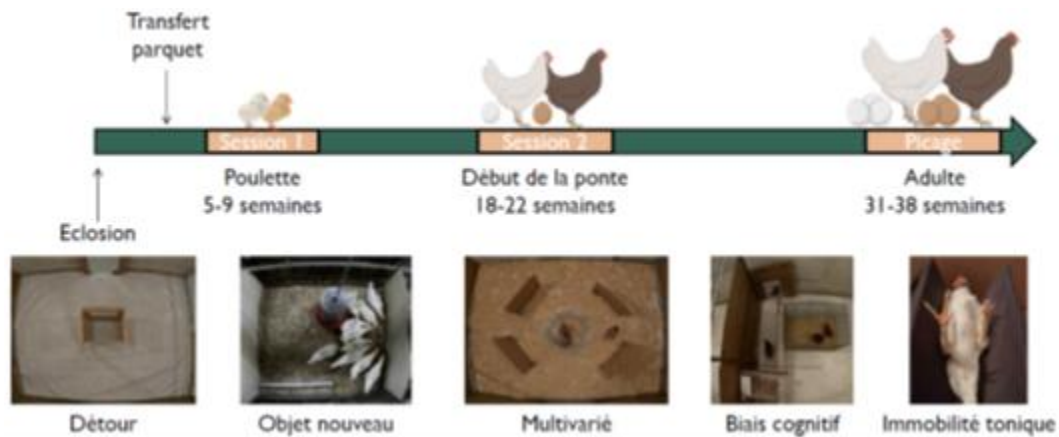
Les individus présentent des différences comportementales stables, définies comme des traits de tempérament tels que l'agressivité, la peur, la sociabilité ou la réactivité (Griffin et al., 2015). Ces tempéraments influencent la sensibilité aux changements et la capacité d'adaptation, le picage pouvant constituer une stratégie face à des conditions inadéquates (Rodenburg & Koene, 2003 ; Rodenburg et al., 2004). Les lignées expérimentales sélectionnées pour un fort picage montrent une proactivité accrue, caractérisée par davantage de locomotion, une plus grande résistance lors des tests d'immobilité et une fréquence cardiaque plus élevée que les lignées peu piqueuses (Korte et al., 1998 ; Kjaer, 2009). Elles vocalisent également davantage en situation d'isolement social, traduisant une motivation sociale plus forte (Rodenburg & Koene, 2003 ; Forkman et al., 2007). À l'échelle individuelle, les sujets peuvent être catégorisés en piqueurs, neutres ou victimes, les piqueurs se montrant plus actifs et plus enclins à tenter de s'échapper en environnement nouveau (van der Eijk et al., 2018). Certains traits de tempérament pourraient ainsi servir d'indicateurs précoces de la tendance à piquer en élevage de production, identifiables dès le stade poulette.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Les difficultés résident dans le caractère très multifactoriel du déclenchement des comportements de picage des poules pondeuses.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les travaux de 2025 ont consisté à analyser les résultats des tests cognitifs réalisés dans les environnements d'élevage des stations INRAE et Anses. (Figure ci-dessous)



Les 5 tests cognitifs appliqués en stade poulette (5-9 semaines) et début de ponte (18-22 semaines)

Les résultats obtenus suggèrent que les individus piqueurs ont tendance à être plus proactifs que les non-piqueurs. Cette proactivité se manifeste notamment par une plus grande propension à effectuer des détours face à un obstacle, une latence accrue à s'approcher d'un stimulus menaçant et une durée d'immobilité tonique plus courte. De plus, l'analyse des budgets-temps montre des différences comportementales selon la souche et la session, avec une locomotion plus importante chez les piqueurs issus de souche rousse, et plus de comportements de confort exprimés. Des profils comportementaux ont ainsi pu être établis pour différencier au stade poulette des animaux plus ou moins susceptibles d'exprimer du picage en période de ponte. Des profils simplifiés ont été ensuite testés en élevage commerciaux par l'ITAVI. Ces derniers résultats sont en cours d'analyse.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

L'ensemble des travaux permettent d'envisager une caractérisation tempéramentale des lots de poulettes pour prévenir au mieux les risques de picage sévères.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

- Présentation aux Journées Techniques Inter Filière du SYSAAF par L. Dumontier et A. Foreau en 2025.
- Article dans la revue Tema (Dumontier L. et al. 2024)
- Valorisation à venir aux JRA 2026.

Références bibliographiques citées :

Dumontier L., Ferreira V., Calandreau L., Quentin M., Guesdon V., Guinebretiere M., Kleiber A., Sourdioux M., Foreau A., 2024. Mieux comprendre le picage. Origines et pistes d'amélioration. Tema, 65.

Dumontier L. et Foreau A. 2025. Identification du profil de picage chez deux souches commerciales de poules pondeuses. 8ème Journées Techniques Interfilières du SYSAAF, Rennes 14-15 oct.

Forkman B., Boissy A., Meunier-Salaün M.C., Canali E., Jones R.B. 2007. A critical review of fear tests used on cattle, pigs, sheep, poultry and horses. Physiology & Behavior. 92(3): 340-374.

Griffin A.S., Guillette L.M., Healy S.D. 2015. Cognition and personality: an analysis of an emerging field. Trends in Ecology & Evolution. 30(4): 207-214.

Kjaer J.B. 2009. Feather Pecking in Domestic Fowl is Genetically Related to Locomotor Activity Levels: Implications for a Hyperactivity Disorder Model of Feather Pecking. Behavior Genetics. 39(5): 564-570.

Korte S.M., Ruesink W., Blokhuis H.J. 1998. Heart Rate Variability During Manual Restraint in Chicks from High- and Low-Feather Pecking Lines of Laying Hens. Physiology & Behavior. 65(4): 649-652

Rodenburg T.B., Koene P. 2003. Comparison of individual and social feather pecking tests in two lines of laying hens at ten different ages. Applied Animal Behaviour Science. 81(2): 133-148.

Rodenburg T.B., van Hierden Y.M., Buitenhuis A.J., Riedstra B., Koene P., Korte S.M., van der Poel J.J., Groothuis T.G.G., Blokhuis H.J. 2004. Feather pecking in laying hens: new insights and directions for research? Applied Animal Behaviour Science. 86(3): 291-298.

van der Eijk J.A.J., Lammers A., Li P., Kjaer J.B., Rodenburg T.B. 2018. Feather pecking genotype and phenotype affect behavioural responses of laying hens. Applied Animal Behaviour Science. 205: 141-150.

2.1.4. Développement d'un outil immergé d'estimation et de suivi de la croissance des poissons [SEPIAA France 2030]

Afin de fournir des avantages compétitifs aux partenaires du projet ainsi qu'aux autres adhérents du SYSAAF, le projet SEPIAA vise notamment à développer un outil immergé d'estimation et de suivi de la croissance des poissons. Cet outil devra être capable, via des modèles d'intelligence artificielle, de fournir une estimation fiable du poids individuel de chaque poisson qui passera à l'intérieur. Un premier test chez l'adhérent Viviers de Sarrance a permis de tester une première version de l'outil sur des truites et d'acquérir des images 2D et 3D afin de pouvoir commencer à entraîner des modèles.

État de l'art :

Dans la littérature on trouve de nombreuses utilisations de caméras 2D ou 3D pour l'estimation du poids ou de la taille des poissons directement dans l'eau (K.Lin et al., 2026). L'intérêt de l'outil immergé développé ici est de pouvoir phénotyper individuellement les poissons, grâce à une antenne RFID à l'entrée du dispositif, ainsi il n'y a pas besoin d'entraîner un modèle de reconnaissance individuelle des poissons, c'est donc plus simple et plus sûr.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

La majeure difficulté est d'obtenir un passage volontaire des poissons dans l'outil immergé. Pour cela, un débit d'attrait est créé dans le tunnel et il est prévu de tester d'attirer les poissons avec de l'hydrolysat de moule en poudre versé en petite quantité à la sortie du dispositif. Au premier test les truites ont été attirées par l'odeur de granulé que nous avons placés en sortie du tunnel.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

L'outil est composé d'un tunnel transparent dans lequel les poissons passent un par un, d'une caméra 2D qui filme les poissons par-dessus, de deux caméras 2D qui filment les poissons sur le côté via deux miroirs placés en face du tunnel et d'une caméra de profondeur, placée entre les deux miroirs, qui filme les poissons sur le côté.

Un test de la machine a été réalisé en mars 2025. Dans un premier temps des poissons tagués, qui ont ensuite été mesurés et pesés, ont été poussés directement dans la machine afin que l'on soit certains d'obtenir des images pour commencer à entraîner des modèles IA. Par la suite nous avons laissé la machine dans un bassin relativement dense (70kg/m³ environ) pour tester l'attractivité de l'outil. Il a été observé que les poissons ne rentraient dans l'outil que lorsque des granulés étaient placés en sortie (granulés inaccessibles pour les poissons, ils étaient uniquement attirés par l'odeur).



Outil immergé lors du test avec passage forcé (gauche), outil immergé ouvert (centre), outil immergé lors du test avec passage libre (droite).

Les images capturées lors du 1^{er} test ont permis d'entraîner des modèles qui prédisent le poids et la taille de manière très précise ($r^2 = 0.897$ et MAE = 6mm pour la taille et $r^2 = 0.962$ et MAE = 12.4g pour le poids).

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Cet outil est d'un grand intérêt pour la filière piscicole puisqu'il permet de phénotyper les poissons sans avoir à les manipuler. Cela permet de réduire le stress des poissons et le temps humain nécessaire pour le phénotypage. On pourrait donc réaliser des biométries de manières plus récurrentes, en laissant tout simplement l'outil dans le bassin, ce qui permettrait d'avoir un suivi de la croissance individuelle des poissons beaucoup plus précis. Ces multiples biométries permettraient aussi d'évaluer plus finement la tolérance des poissons aux conditions difficiles avec des indicateurs comme le Invar (Aththar et al., 2024).

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les premiers résultats seront présentés aux Journées Recherche Filière Piscicole 2026.

Références bibliographiques citées :

Aththar, M.H.F. et al. (2024) « Log Transformed Variance (Lnvar) from Individual Growth Curves as a Potential Indicator of Resilience in Nile Tilapia (*Oreochromis Niloticus*) ». Rochester, NY: Social Science Research Network. Available at: <https://doi.org/10.2139/ssrn.4890363>.
K.Lin, S.Zhang, W.Wang, et al., "Advancing Non-Contact Fish Phenotyping via Optical Sensing: Toward Precision Aquaculture," Reviews in Aquaculture18, no. 1 (2026): e70123, <https://doi.org/10.1111/raq.70123>

2.1.5. Développement d'un protocole de mesure de l'efficacité alimentaire individuel chez le bar [SEPIAA]

Dans ce projet nous voulons transposer une méthode de mesure de l'efficacité alimentaire individuelle développée par De Verdal et al. (2022) à la truite, au bar et à la daurade. En complément et afin d'améliorer la méthode en la rendant facilement utilisable en routine, nous voulons développer un algorithme d'intelligence artificielle capable de détecter automatiquement l'ingestion d'un granulé et de l'attribuer au poisson qui l'a réalisé.

État de l'art :

L'efficacité alimentaire se mesure par l'indice de conversion (IC) qui représente la quantité d'aliments ingérés par unité de biomasse gagnée. Aujourd'hui, la sélection pour l'amélioration de l'efficacité alimentaire individuelle est impossible en routine car il est très difficile de mesurer l'ingéré individuel des poissons vivant en groupe dans l'eau. Or, l'obtention de mesures individuelles est essentielle pour réaliser la sélection génétique des meilleurs individus. Pour cela, De Verdal et al. (2022) ont développés une méthode basée sur le comptage de l'ingéré alimentaire individuel par analyse vidéo de repas distribués à des petits groupes de tilapia par des opérateurs humains. Ils ont montré que la méthode était fiable et performante puisqu'une amélioration de 1.5% de l'efficacité alimentaire pouvait être réalisée en une génération de sélection. Cependant cette méthode est extrêmement fastidieuse et chronophage en analyse vidéo d'où la nécessité d'intégrer des analyses automatiques avec des algorithmes d'IA.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Plusieurs difficultés techniques ont été identifiées lors des essais et ont conduit à des pistes d'amélioration. Le maintien de conditions d'enregistrement constantes (propreté de la vitre, éclairage, position des caméras) s'est avéré complexe ; une configuration d'aquarium plus standardisée sera testée. Des problèmes de tracking apparaissent lorsque des poissons se croisent, pouvant inverser leur identification ; des frameworks comme ByteTrack ou Roboflow sont à l'étude. Le système actuel peut aussi modifier les identifiants au cours du suivi, ce qui sera corrigé via une logique d'ID persistante et des CNN plus performants. L'acquisition de données individuelles pour l'entraînement reste très chronophage, nécessitant un dispositif automatisé à haut débit. Enfin, la validation manuelle des vidéos étant longue, des méthodes complémentaires sont explorées pour accélérer et fiabiliser l'évaluation tout en réduisant l'intervention humaine.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

La première étape de ce projet consistait donc à développer une plateforme intégrée, combinant aquarium, caméras, éclairages et distributeurs d'aliments, capable de capturer des vidéos de qualité suffisante (figure 1). Après la finalisation de la plateforme, un premier essai a été réalisé en répartissant 55 poissons dans quatre aquariums, avec respectivement 10, 10, 15 et 20 poissons. Lors de ces tests, des vidéos d'une heure prises pendant le nourrissage ont servi de matériel de base pour le développement des outils informatiques d'identification des poissons et de détection des captures alimentaires.



Vu d'ensemble d'un aquarium modifié pour la mesure de l'ingestion alimentaire.

Ensuite, nous avons initié le développement algorithmique d'IA pour détecter et attribuer les captures alimentaires. Pour cela, nous avons constitué des jeux de données annotés, où les poissons étaient identifiés manuellement sur des images, pour entraîner les modèles. Nous avons testé plusieurs architectures, notamment YOLO, Torchreid, Fishnet1 et DINOv2. Fishnet1 a donné les meilleurs résultats pour la re-identification des poissons. Ensuite, un modèle de détection des pellets a été entraîné sur un jeu de données composé de 1 000 images annotées. Les images proviennent d'extractions de frames issues des vidéos de tests du dispositif. Le modèle est basé sur YOLOv11n.



Détection d'un granulé sur une vidéo test.

Puis, la détection de l'ouverture de la bouche a été entraînée sur un jeu de données composé de 150 images. Il s'agissait de séquences où les poissons ouvraient clairement la bouche pour une action d'alimentation. L'entraînement a été réalisé avec le modèle YOLOv11n-OB.

Finalement, la détection des événements d'alimentation consiste en la combinaison de la détection des granulés et de l'ouverture de la bouche. Cette méthode de détection de la prise alimentaire a ensuite été appliquée à l'ensemble des vidéos de test. Une validation manuelle a également été effectuée pour chaque vidéo. Sur une vidéo d'une heure de nourrissage, nous avons comptabilisé 86 vrais positifs, 24 faux positifs et 3 faux négatifs. Ces résultats sont encourageants et offrent une base solide pour poursuivre le développement de la méthode de détection.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

A terme, nous souhaitons développer une infrastructure capable de mettre en œuvre cette méthode au sein de notre plateforme collaborative Fortior Genetics SYSAAF-ANSES qui permettra aux sélectionneurs de phénotyper les animaux en routine. L'amélioration de l'efficacité alimentaire permettra de réduire la consommation alimentaire des poissons à production constante. Or la production de l'aliment et l'utilisation de cet aliment par les poissons sont les principales sources d'impacts environnementaux de la production. Ainsi, l'amélioration de l'efficacité est un levier majeur de la réduction des impacts environnementaux de la pisciculture.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces travaux ont fait l'objet d'un poster à l'ISGA (International Symposium on Genetics in Aquaculture) et à l'EAS (European Aquaculture Society).

Références bibliographiques citées :

de Verdal, H., Vandeputte, M., Mekawy, W., Chatain, B., Benzie, J.A.H., 2018. Quantifying the genetic parameters of feed efficiency in juvenile Nile tilapia *Oreochromis niloticus*. BMC Genet. 19, 105. <https://doi.org/10.1186/s12863-018-0691-y>.

2.1.6. Développement et test d'une machine de prédiction des rendements de filets chez la truite [SEPIAA]

Ce projet consiste à développer une machine permettant le phénotypage automatisé des rendements de filets de poissons anesthésiés à l'aide d'images 3D, d'échographies et d'algorithmes d'intelligence artificielle. La machine doit permettre l'identification individuelle des poissons via des puces RFID,

l'acquisition automatisée d'images et de données de mesures, ainsi que le tri des animaux selon des critères définis par l'utilisateur.

État de l'art :

Plusieurs technologies d'automatisation industrielle de prédiction de rendements ont été développées dans les secteurs aquacole, tel que dans le programme R&D AqualImpact (<https://www.dorset.nu/tools-for-fish-identifying-in-aquaimpact/>) ou bien par l'entreprise Mowi (<https://hatcheryfm.com/management/xelect-partners-with-mowi-to-test-3d-laser-scanner-in-salmon/>). Ces solutions ont servi de références pour ce projet, toutefois, il n'existait pas de machine permettant également l'intégration d'images d'échographies pour améliorer la prédiction des rendements de filets.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Le développement de la machine émergée impliquait plusieurs verrous technologiques :

- l'intégration synchronisée de différents équipements (antenne d'identification RFID, caméras 3D, caméra 2D, échographe, système de convoyage),
- le choix d'une technologie de vision suffisamment robuste pour des organismes biologiques humides et de formes variables,
- la compatibilité des différents systèmes matériels et logiciels,
- la capacité à produire des mesures suffisamment précises pour alimenter des modèles d'intelligence artificielle,
- et l'utilisation de la machine dans des environnements aquacoles contraignants (humidité, température, nettoyage fréquent).

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les travaux réalisés en 2025 se sont déroulés en plusieurs étapes. Une première phase a consisté à définir précisément le cahier des charges de la machine avec les partenaires du projet. Une seconde phase a porté sur la recherche et la sélection des prestataires industriels pouvant répondre au cahier des charges. Dans la troisième phase qui a débuté en janvier 2025, nous avons lancé la construction de la première version opérationnelle de la machine. Ainsi, une version fonctionnelle a pu être utilisée lors de deux campagnes de mesure réalisées en juin 2025 à Viviers de Sarrance et à Milin Nevez. Au total, 960 poissons ont été mesurés à Viviers de Sarrance et 1230 à Milin Nevez. Pour chaque individu, nous avons obtenu les données 2D, 3D et échographiques ainsi que les « vérités terrains » des rendements des carcasses. Ces données sont en cours d'analyse pour développer des modèles d'intelligence artificielle dédiés à l'estimation des rendements

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces travaux ont permis de démontrer la faisabilité du développement d'une machine émergée dédiée au phénotypage automatisé des rendements de filets de poissons dans un contexte de sélection aquacole. Les premiers résultats obtenus montrent que les technologies de vision 3D et d'intelligence artificielle permettent d'estimer avec précision certains critères de rendement à partir d'images acquises automatiquement. À terme, cette machine devrait permettre, de fiabiliser le phénotypage des animaux, d'améliorer la précision des programmes de sélection, de réduire les manipulations manuelles, et de faciliter la collecte standardisée de données à grande échelle.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Aucune publication scientifique ou diffusion technique n'a encore été réalisée à ce stade.

Références bibliographiques citées :

Dorset Group, 2020. Tools for fish identifying in AqualIMPACT. Dorset Group. Available at: <https://www.dorset.nu/tools-for-fish-identifying-in-aquaimpact/>

Xelect, 2020. Xelect partners with Mowi to test 3D laser scanner in salmon. *Hatchery FM*. Available at: [Hatchery FM article](#)

2.2. Approche génétique

2.2.1. Estimation de corrélations génétiques entre les poids à 8 et 18 semaines dans une lignée de poulet de Bresse [CASDAR]

L'objectif est de contrôler la pertinence du phénotypage du poids vif à 18 semaines des lignées Bresse Gauloise Blanche.

État de l'art :

Dans le schéma de sélection des lignées Bresse Gauloise Blanche conservées à Béchanne, les animaux sont traditionnellement pesés à 8 semaines. L'âge auquel sont pesés ces animaux est différent de l'âge auquel sont traditionnellement abattus les animaux de production en filière volaille de Bresse qui est de minimum 108 jours, soit plus de 15 semaines (INAO, 2022). La commission sélection du comité interprofessionnel de la volaille de Bresse s'est donc légitimement interrogé sur le niveau de la corrélation génétique qui existe entre le poids vif à 8 semaines et le poids vif à 18 semaines des animaux (i.e. lors de l'entrée en cage). Ce dernier étant très probablement plus étroitement lié au poids final à l'abattage des animaux.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Le poids vif à 18 semaines a été mesuré sur les animaux des cheptels 25B des lignées Bresse Gauloise Blanche maintenues au Centre de Sélection de Béchanne. Ce caractère a été inclus dans l'estimation des paramètres génétiques de chacune des lignées afin d'obtenir une estimation de l'héritabilité et des corrélations génétiques avec les autres caractères traditionnellement mesurés. Pour les quatre lignées, l'héritabilité du poids vif à 18 semaines est plus importante que l'héritabilité du poids vif à 8 semaines (entre 0,577 et 0,717). De plus, la corrélation génétique entre les deux caractères, bien qu'élevée (entre 0,690 et 0,811), est inférieure aux valeurs qui ont pu être estimées par ailleurs dans des lignées de poulets de chair (Luo *et al.*, 2025)

	PV8S	PV18S	AGE1W	PW30S	TXPONTE	INTENS_W
PV8S	0,47 (0,02)	0,69 (0,04)	-0,03 (0,04)	0,35 (0,03)	-0,20 (0,04)	-0,32 (0,05)
PV18S		0,58 (0,04)	-0,07 (0,09)	0,26 (0,07)	0,01 (0,12)	-0,06 (0,10)
AGE1W			0,48 (0,01)	0,10 (0,03)	-0,77 (0,02)	-0,20 (0,05)
PW30S				0,63 (0,03)	-0,28 (0,03)	-0,36 (0,04)
TXPONTE					0,42 (0,03)	0,76 (0,02)
INTENS_W						0,32 (0,03)

Tableau d'héritabilités (diagonale) et de corrélation génétique (hors diagonale) entre les caractères mesurés dans la lignée Bresse Gauloise Blanche B11. La valeur entre parenthèse correspond à l'erreur type de l'estimation. PV8S : Poids vif à 8 semaines ; PV18S : poids vif à 18 semaines ; AGE1W : Age au premier œuf ; PW30S : Poids moyen des œufs à 30 semaines ; TXPONTE : Taux de ponte relativement à la meilleure femelle du lot ; INTENS_W : Intensité de ponte, correspondante au pourcentage de jour ou la poule a pondu un œuf entre son premier jour de ponte et la fin de la période d'enregistrement de la ponte.

A titre d'exemple, en B11, une sélection des individus directement sur le caractère PV18S permettrait d'espérer un gain génétique maximal supplémentaire de 47,5g à 18 semaines plutôt que si une sélection avait été effectuée sur le caractère PV8S seulement (Figure).



Représentation graphique des valeurs génétiques du poids vif à 18 semaines en fonction des valeurs génétiques du poids vif à 8 semaines en génération 25B de la lignée Bresse Gauloise Blanche B11. Les points rouges représentent les 100 meilleurs mâles et les 400 meilleures femelles concernant les valeurs génétiques à 8 semaines (à gauche), ou les valeurs génétiques à 18 semaines (à droite). Les moyennes de valeurs génétiques à 18 semaines de ces animaux est donné à gauche (exprimé en écart-type génétique du caractère). L'écart type génétique du poids vif à 18 semaines est de 197,9g.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Cette étude a démontré la pertinence de phénotyper le poids vif des animaux plus proche de leur âge à l'abattage (*i.e.* à 18 semaines). Ce phénotypage du poids vif à 18 semaines permettra de mieux répondre aux besoins des éleveurs de la filière en pilotant plus précisément ce caractère d'intérêt pour eux.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Un rapport d'analyse a été préparé et diffusé auprès de l'entreprise adhérente (Centre de Sélection de Béchanne). Une restitution orale lors de la prochaine commission de sélection sera également effectuée

Références bibliographiques citées :

INAO, 2022. Cahier des charges de l'appellation d'origine « Volaille de Bresse » ou « Poulet de Bresse » ou « Poularde de Bresse » ou « Chapon de Bresse ». Bulletin officiel du Ministère de l'agriculture, et de l'alimentation n°2022-28

Luo, N., Cai, K., Wei, L., Cui, H., Wen, J., An, B, Zhao, G., 2025. Identification of regulatory loci and candidate genes related to body weight traits in broilers based on different models. *BMC Genomics* <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11651-5>

2.2.2. Investigations des performances de production d'œufs chez la truite, avec ou sans stimulation hormonale [CASDAR]

Dans un schéma de sélection, il importe autant que possible que l'ensemble des géniteurs sélectionnés soient prêts à se reproduire au même moment afin de limiter les biais environnementaux en limitant la période de création de la nouvelle cohorte ou génération sur au mieux 1 seule journée. Si les mâles de truite produisent de la semence sur 2-3 mois, les femelles ne pondent qu'une seule fois lors d'une

période de ponte qui s'étire sur 6-8 semaines. L'induction hormonale de l'ovulation est utilisée à cette fin en permettant de recueillir entre 80 et 90 % des femelles ovulées sur une journée de ponte. Depuis le début de l'application de cette innovation en sélection dès 1994 se pose la question d'un biais potentiel de cette pratique sur les performances de ponte, et de la pertinence de prendre en compte leurs phénotypes à des fins d'estimation des valeurs génétiques de caractères de production d'œufs.

État de l'art :

L'induction hormonale provoquerait l'ovulation des ovocytes déjà matures (Bromage 1992). Par conséquent, on peut penser que cette pratique n'a pas d'effet sur le nombre d'œufs pondus, et donc pas d'effet sur la fécondité relative. En revanche, le poids (la taille) pourrait être affectée par rapport à une ponte non induite (ce qui aurait donc potentiellement aussi un effet sur le poids total de la ponte et sur le rendement gonado-somatique RGS). Par exemple, Tyler et al. (1996) rapportent chez l'anguille japonaise des RGS de l'ordre de 60% sur des femelles stimulées hormonalement contre 18 à 25% chez des femelles non induites. Plusieurs autres études comparent les performances de ponte de femelles induites ou non chez diverses espèces aquacoles, mais aucune n'a étudié si la variabilité génétique additive des performances de ponte était modifiée par l'effet de l'induction.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Le dispositif expérimental à disposition pourrait être potentiellement trop limité en termes d'effectifs de femelles induites (n=73) pour observer un effet de la stimulation hormonale sur l'estimation des valeurs génétiques (ou pour conclure qu'il n'y a statistiquement pas d'effet de l'induction sur les caractères de production d'œufs). En outre, l'effet de l'induction est aussi biaisé par construction puisque seules les femelles choisies pour la création de la nouvelle cohorte sélectionnée sont stimulées hormonalement (avec ces femelles induites nous ne disposons donc pas d'un échantillon représentatif de l'ensemble de la population, contrairement aux femelles non induites (n=453) qui elles représentent la totalité de la population).

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

La cohorte analysée est issue d'une lignée sélectionnée de truite de Viviers de Sarrance. Elle a été créée à partir des croisements de 30 pères par 38 mères, générant ainsi potentiellement 254 familles. L'élevage mélangé de ces familles a été conduit jusqu'à leur 2^{ème} ponte à 3 ans d'âge où leurs phénotypes de production d'œufs ont été mesurés. Ces femelles (n=526, dont 73 stimulées hormonalement pour la ponte) ainsi que leurs parents ont été génotypés pour assignation à parenté. Les paramètres génétiques des performances de ponte ont été estimés grâce au logiciel VCE selon différents scénarii de traitement de données :

- a. Prise en compte de la totalité des phénotypes des 526 femelles, avec l'effet fixe de l'induction
- b. Prise en compte de la totalité des phénotypes des 526 femelles, sans effet induction
- c. Prise en compte des phénotypes des femelles non induites uniquement (n=453)

Les héritabilités du poids total de la ponte, de la taille d'un œuf et du rendement gonado-somatique (exprimé sous la forme de « résidus ») ont été estimées avec leurs erreurs standard (cf. tableau ci-dessous). Les valeurs génétiques ont aussi été estimées pour chacun de ces caractères de production d'œufs.

Scenario	a)	b)	c)
Poids total de la ponte	0,38 (0,10)	0,38 (0,10)	0,35 (0,10)
Taille de l'œuf	0,24 (0,10)	0,22 (0,10)	0,34 (0,13)
Rendement gonado-somatique (« résidus »)	0,48 (0,11)	0,48 (0,11)	0,42 (0,11)

Les héritabilités sont inchangées quel que soit le scénario considéré de prise en compte ou non du potentiel effet de l'induction. Par ailleurs, les corrélations de Spearman des valeurs génétiques

estimées pour chacun des caractères a) et b) sont très fortes (> 0,98) : la prise en compte de l'effet induction ne change pas le classement des femelles sur leurs performances de production d'œufs.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Il s'agit de premières analyses génétiques visant à estimer l'effet potentiel de l'induction sur l'estimation des paramètres génétiques des caractères de production d'œufs. Les résultats obtenus laissent penser que les performances des femelles induites peuvent être prises en compte dans les estimations des valeurs génétiques des animaux, et que l'ajout d'un effet fixe de l'effet « induction » n'est pas forcément nécessaire. A noter cependant que le jour où les femelles induites ont pondu, il y avait également des femelles non induites à pondre. Mais dans un contexte plausible en élevage de sélection où les femelles induites conduiraient à acquérir la totalité des phénotypes d'une seule et même journée de ponte (et les femelles non induites pour les autres journées de ponte de la saison), les résultats pourraient alors être biaisés, ce qui constituerait une autre hypothèse à vérifier.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ce travail conforte les pratiques en cours dans les élevages de sélection de truite, dans la mesure où l'induction contribue aux bonnes pratiques « génétiques » sans manifestement biaiser les estimations des paramètres génétiques des caractères de production d'œufs, du moins dans le cadre du jeu de données analysé cette année.

Références bibliographiques citées :

Bromage, N., Jones, J., Randall, C., Thrush, M., Davies, B., Springate, J., Duston, J., Barker, G., 1992. Broodstock management, fecundity, egg quality and the timing of egg production in the rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture*, 100: 141-166. [https://doi.org/10.1016/0044-8486\(92\)90355-0](https://doi.org/10.1016/0044-8486(92)90355-0)

Tyler, C.R., Sumpter, J.P., 1996. Oocyte growth and development in teleosts. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 6:287-318. <https://doi.org/10.1007/BF00122584>

2.2.3. Estimation des corrélations génétiques du poids intra-cohorte à différents stades de croissance d'une lignée de poissons [CASDAR]

L'objectif de ce projet est d'estimer la corrélation génétique du poids d'un lot de poissons à différents stades de leur développement. Quelques données sont masquées en attente de publication.

État de l'art :

Dans un souci de réorganisation / rénovation des bassins d'élevage, l'entreprise souhaite réorganiser les processus de tri de ses animaux au cours de leur vie, en réduisant notamment le nombre de pesées et de tri des poissons. Or, l'impact d'un tri ou d'une sélection d'individus à une petite taille sur la taille commerciale n'a été caractérisée antérieurement qu'entre de l'ordre de et justifie l'importance d'estimer des corrélations génétiques avec des âges (ou poids) plus faibles.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Le nombre d'individus utilisés est assez faible, et le génotypage des animaux est réalisé sur un faible nombre de marqueurs, ce qui risque de faire baisser les précisions des calculs d'estimations des corrélations génétiques.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Un lot de 700 poissons, issu de la cohorte 2025, a été élevé dans des conditions proches de la future organisation. Huit biométries seront réalisées en 2025 et 2026 à des poids définis et 475 individus ont été génotypés sur un panel de 96 marqueurs SNP.

L'ensemble des données sera traité en 2026 et les corrélations phénotypiques et génétiques de la croissance entre les différentes tailles seront estimées.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Grâce à ce projet, l'entreprise bénéficiera de données sur son cheptel et de clés pour orienter sa stratégie de gestion de ses cohortes.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Le projet est confidentiel à ce stade.

2.2.4. Paramètre génétique GxE sur la croissance et les caractères d'usine en sélection poisson [CASDAR]

L'objectif du projet est d'estimer les paramètres génétiques des caractères intérêts (croissance et rendement d'usine) sur 3 lots dérivés dans des environnements différents. Quelques données sont masquées en attente de publication.

État de l'art :

Lorsque les candidats sont élevés dans un environnement différent de celui des animaux en production, il est important d'estimer les interactions entre la génétique et l'environnement (GxE) pour définir la stratégie de sélection la plus adaptée. En effet, des animaux peuvent être performants dans un environnement et sous-performer dans un autre environnement. Pour prendre en compte le GxE, des frères et sœurs des candidats à la sélection peuvent être élevés dans l'environnement d'intérêt pour constituer des lots de collatéraux dérivés de la sélection pour évaluer la performance des candidats à la sélection dans ces environnements grâce à ces lots dérivés.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Il y a peu d'incertitudes scientifiques. La seule contrainte est la taille des lots dérivés pour obtenir une bonne précision des paramètres génétiques.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

lots dérivés de la génération ont été envoyés dans piscicultures :

Pour les lots dérivés , des biométries ont été effectuées au cours de la croissance des poissons. Ensuite, les lots ont été abattus afin de mesurer des phénotypes d'intérêt sur le rendement à l'usine.

Les deux graphiques suivants nous montrent le poids final à l'abatage et le rendement carcasse éviscérés dans les 3 piscicultures. On note un poids à l'abatage très différent entre les 3 sites (effet environnement et zootechnique). Les rendements carcasses éviscérés sont assez similaires dans les 3 sites.

Ensuite, les paramètres génétiques et les corrélations génétiques entre les phénotypes sur sites ont été estimés à l'aide d'un modèle en pedigree. Les héritabilités dans le poids varient entre et en fonction du site et la période de la biométrie. Intra-site les corrélations génétiques entre 2 poids sont supérieures . Mais les corrélations génétiques pour le poids à l'abatage entre les 3 sites sont . Il y a un fort effet GxE pour le poids à l'abatage entre les 3 sites. Pour les caractères de rendement-usine, les corrélations génétiques entre les caractères sont très fortes, elle varie . Pour le rendement carcasse éviscérée, les héritabilités varient . Les corrélations génétiques entre les 3 sites sont fortes , avec les corrélations les plus faibles pour le site de Lires. Pour le rendement de carcasse éviscéré et étêté, les héritabilités varient . Les corrélations génétiques sont très fortes pour ce caractère, elles varient . Ils seraient intéressants d'approfondir l'étude avec les données génomiques disponibles. Actuellement, ils sembleraient avoir un effet GxE très important sur la croissance et le poids final entre les 3 sites. Mais pour les caractères de rendement-usine, les corrélations génétiques entre les 3 sites sont très fortes. A confirmer, un lot dérivé pour les caractères de rendement d'usine serait suffisant pour améliorer ces caractères sur plusieurs sites. Par contre, la croissance et le poids final, il est nécessaire d'avoir des données sur plusieurs environnements si on veut une améliorée entre plusieurs sites.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

La donnée collectée permet de travail sur le GxE. Le GxE devient de plus en plus important dans la réflexion des schémas de sélection pour avoir des poissons performants dans un environnement pour de la multiplication ou de plutôt de travailler pour un poisson robuste dans plusieurs environnements.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les premiers résultats ont été présentés à l'entreprise avant toute valorisation.

2.2.5. Paramètres génétiques sur la survie des alevins chez un sélectionneur poisson [CASDAR]

L'objectif de l'étude est d'évaluer la survie des alevins au stade .

État de l'art :

Dans le projet , il y a eu de premières héritabilités estimées sur la qualité des œufs et une première estimation sur la survie des alevins au stade . La bibliographie est assez contrastée

sur les héritabilités de la survie entre le stade avant éclosion.

concluant à une héritabilité nulle de la

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Les aléas sont liés à la difficulté de suivre la ponte d'un très grand nombre de femelles incubées séparée. Cela nécessite un phénotypage et des ressources importantes.

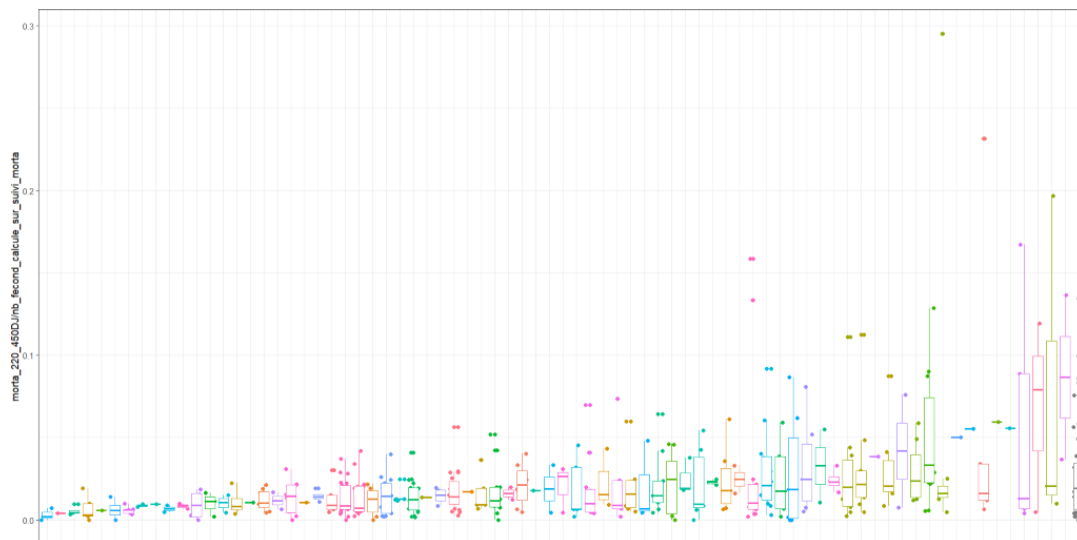
Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

femelles ont été génotypés et phénotypées sur leur performance de pontes (taille des œufs, poids de la pontes, fécondité relative...), une partie de leur ponte a été fécondée et incubée . Les mortalités ont été relevées journalièrement durant le stade . Un point de contrôle des effectifs a été effectué au stade par le nombre d'œufs restant obtenu par photo et .

Après les contrôles de qualité, femelles ont été conservées. Les individus de la première semaine de ponte ont être enlevé de l'étude, car la méthode de comptage n'était pas viable. Il avait une différence trop importante entre le nombre d'alevins à la fin de la période par rapport au nombre initial.

La mortalité entre le stade est limitée et

Le graphique suivant représente la proportion d'alevins morts entre le stade des femelles (points) en fonction de leur origine maternelle (axe X). On peut voir une variabilité entre les mères et filles pouvant montrer un effet génétique.



Les femelles ont été incubées séparément, il peut donc exister un effet dit 'd'environnement commun' avec confusion possible entre effet de la mère (effet génétique) et l'effet de l'incubateur.

Un modèle génomique complexe avec l'effet semaine, le diamètre de l'œuf en covariable, l'effet incubateur en effet aléatoire permet d'estimer une héritabilité de . Des analyses doivent être effectuées pour valider cette première estimation ou compléter par un jeu de données supplémentaire.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Les clients des sélectionneurs et les sélectionneurs veulent « des œufs robustes » du stade œillé jusqu'à la taille commerciale. Cette première étude

permet d'avoir une première estimation encourageante pour travailler sur la survie précoce. Cette étude sera sûrement complétée par d'autres phénotypages avec un protocole encore amélioré.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les premiers résultats ont été présentés à l'entreprise avant toute présentation externe.

2.2.6. Estimation de paramètres génétiques sur deux caractères d'intérêt d'une lignée sélectionnée de mouche soldat noire, *Hermetia illucens*

Certains résultats ont été masqués pour préserver la confidentialité.

État de l'art :

Aujourd'hui, l'élevage des BSF commence à investir dans l'amélioration de ses ressources génétiques, sa compétitivité dépendant d'une amélioration des performances de croissance (Facchini et al., 2022). L'estimation des paramètres génétiques (tels que l'héritabilité, les corrélations génétiques) constitue un pilier de la sélection génétique car elle permet d'identifier la part de variation phénotypique réellement transmissible à la descendance (Falconer & Mackay, 1996 ; Lynch & Walsh, 1998). Ces paramètres conditionnent informent l'efficacité potentielle des schémas de sélection, le choix des caractères à améliorer et le progrès génétique attendu. Une mauvaise estimation peut conduire à des décisions d'investissement sous-optimales, voire contreproductives, alors que des estimations robustes permettent d'optimiser et sécuriser l'allocation des ressources et d'accélérer le gain génétique.

Objectifs du projet :

L'objectif de ce travail est d'estimer les paramètres génétiques (héritabilités, corrélation génétique, effets d'environnement communs) pour deux caractères d'intérêt (masse sèche ILA, masse IPU à date fixe) d'un schéma de sélection généalogique familiale (pedigree connus, croisements non aléatoires) avec hypothèse de deux parents uniques par famille.

Travaux de recherche réalisés en 2023, démarche expérimentale et résultats :

Les données analysées de la lignée sous sélection ont été collectées sur les générations G5, G6 et G7. Plusieurs familles sont phénotypées par génération à raison de 10 familles respectives pour les générations G5, G6 et G7. Pour chacun des deux caractères, 10 mesures individuelles ont été effectuées sur des frères et soeurs. Les données sont de 10 phénotypes pour la masse sèche ILA et 10 pour la masse IPU. Les deux figures suivantes présentent les distributions des deux caractères.



Distribution des données phénotypiques de la masse IPU (gauche) et ILA (droite) collectées sur 3 générations

Après nettoyage et formatage des données et du Pedigree, nous avons procédé aux analyses d'estimations de paramètres génétiques par AIREMLF90 avec les suites du programme BLUPF90 (Misztal et al. 2002). Trois effets sont considérés pour ces analyses : un effet fixe (la génération avec 3 modalités), un effet aléatoire (les données familiales avec 160 modalités) et l'effet animal avec les individus renseignés dans le Pedigree comme modalités. Pour les premières analyses effectuées avec la prise en compte des 3 effets, nous avons obtenu de faibles héritabilités pour les deux caractères (Tableau).

	V_p (SD)	h^2 (SE)	c^2 (SE)	r^2 (SE)
ILA				
IPU				

Paramètres génétiques des caractères étudiés dans la population analysée. Variance phénotypique (V_p) + écart-type (SD), héritabilité (h^2), proportion de la variance phénotypique expliquée par des effets d'environnements communs (c^2), effet résiduel (r^2) + l'erreur standard (SE)

Au vu de ces résultats, nous avons testé un deuxième modèle avec la suppression de l'effet d'environnement commun, avec des valeurs d'estimations d'héritabilités plus grandes que précédemment (Tableau).

	V_p (SD)	h^2 (SE)	r^2 (SE)
ILA			

IPU			
-----	--	--	--

Paramètres génétiques des caractères étudiés dans la population analysée sans l'effet d'environnement communs. Variance phénotypique (V_p) + écart-type (SD), héritabilité (h^2), effet résiduel (r^2) + l'erreur standard (SE)

Afin de comparer ces deux modèles d'analyses à effets variables pour déduire le meilleur, le critère d'information d'Akaike, (Akaike information criterion ou AIC - Akaike 1978) a été utilisé. C'est une mesure de qualité couramment utilisée en statistique et en génétique pour l'évaluation et la sélection de modèles. Plus un AIC est faible plus le modèle testé a une vraisemblance élevée.

	AIC	
	Avec Env_Com	Sans Env_Com
ILA		
IPU		

Critère d'information d'Akaike (AIC) pour l'évaluation des deux modèles testés

Dans la présente étude, le modèle d'estimation de paramètres génétiques incluant l'effet de l'environnement commun semble mieux expliqué les deux caractères analysés avec des AIC plus faibles que le modèle sans l'environnement commun.

Pour finir, les corrélations phénotypiques (méthode de Pearson) et génétiques effectuées entre les deux critères donnent des valeurs respectives
montre que les deux caractères ne sont pas significativement corrélés entre eux.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

L'estimation de paramètres génétiques présente un intérêt crucial pour les adhérents, dans le sens où ils conditionnent directement l'efficacité des schémas de sélection, le choix des caractères à améliorer et la prédiction du progrès génétique attendu. Dans le cas présent l'investissement sur 3 générations montre que ce mode de sélection n'est pas efficace et que l'entreprise doit reconsidérer son investissement et la méthode de sélection à mettre en œuvre.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ce travail a été diffusé à l'adhérent lors d'une réunion, accompagné d'un compte rendu.

Références bibliographiques citées :

Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman.
 Lynch, M., & Walsh, B. (1998). *Genetics and Analysis of Quantitative Traits*. Sinauer.
 Facchini E., Shrestha K., van den Boer E., Junes P., Sader G., Peeters K. and Schmitt E.(2022) LongTerm Artificial Selection or Increased Larval Body Weight of *Hermetia illucens* in Industrial Settings. *Front. Genet.* 13 : 865490.

Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., & Lee, D. (2002). BLUPF90 and related programs (BGF90). In Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production (Vol. 28, No. 07, p. 743).

Akaike, H. (1978). On the likelihood of a time series model. Journal of the Royal Statistical Society: Series D (The Statistician), 27(3-4), 217-235.

2.2.7. Indexation génétique pour 2 populations abeilles (miel et gelée royale) [CASDAR ITSAP]

L'objectif de l'étude est la réalisation de l'indexation pour 2 populations abeilles différentes avec des spécificités très différentes (population pour la production de miel et une pour la production de gelée royale).

État de l'art :

La réalisation des indexations pour les schémas de sélection chez les abeilles est récente (quelques dizaines d'années). Cela est lié à des schémas de sélection particuliers (caractéristiques, génétiques, multi-environnement) et une structuration de la filière non stable. De plus, les différends liés à la production de miel et de la gelée royale sont très importants impliquant des pratiques et l'organisation des schémas de sélections très différents entre les deux productions apicoles.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Il n'y a pas de contrainte. Les données nécessaires pour la réalisation de l'étude sont disponibles. Les incertitudes scientifiques sont sur la qualité des données, le nombre et la répartition de la génétique dans les différents environnements. En effet, outre les caractéristiques génétiques différentes chez l'abeille (haplo-diploïde), l'effet de l'environnement avec la répartition des animaux sur des dizaines d'environnements complexifie l'estimation des paramètres génétiques et l'estimation des valeurs génétiques.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Pour le GPGR, l'indexation est réalisée en mai avec un calendrier très serré afin d'obtenir de premiers phénotypes et pouvoir réaliser le choix des reines pour la génération suivante afin de réaliser l'hivernage des futures reines candidates. Les valeurs génétiques ont été estimées sur une performance moyenne sur les 5 premières levées choisies par rapport aux précédents travaux effectués sur les phénotypes en prenant en compte plus ou moins un certain nombre de levées (phénotypes). Le modèle génétique utilisé est un modèle génétique reine avec un choix sur les EBVs de la reine de la colonie.

Pour l'Abeille Ligérienne, l'indexation est réalisée sur la performance de miel total avec un modèle génétique reine sur le choix des EBVs de la reine de la colonie. Cela fait suite à une comparaison des EBVs avec un modèle génétique reine ou ouvrière et en fonction des EBVs de la reine de la colonie et les EBVs des ouvrières de la colonie. Les valeurs génétiques des reines ont pu être fournies au groupe de sélection de l'Abeille Ligérienne avec le choix des reines en fonction de la voie maternelle et la voie paternelle des reines afin de maximiser encore une fois la diversité génétique pour constituer une base de la population du groupe avec une bonne diversité génétique de base avant de travailler en population fermée.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Les indexations génétiques en abeilles (caractéristiques génétiques différentes, schéma de sélection différent) permettent d'enrichir les connaissances en conseil génétiques. Cela permet de montrer à la filière qu'une indexation génétique chez les abeilles est réalisable.

2.2.8. YnFABRE: réponse génétique des populations de ténébrions (*Tenebrio molitor*) après deux ans de sélection [YNSECT BPI France]

Etat de l'art :

Malgré le potentiel du vers de farine (*Tenebrio molitor*) en tant que bio-convertisseur et source d'aliment nutritive durable, les méthodes de production de masse de biomasse de cette espèce restent primitives et inefficaces, exigeant un travail manuel important (Cortes Ortiz et al., 2016). En plus de la technologie de production de masse sous-optimale, la production commerciale de *T. molitor* repose sur un nombre varié de souches présentant des caractéristiques non documentées, qui ont rarement été sélectionnées pour une production optimisée de biomasse.

Le projet YnFABRE propose de fixer des priorités sur la sélection, l'amélioration génétique/génomique et la multiplication des meilleurs spécimens de cette espèce qui a très grande potentialité pour l'industrie agro-alimentaire de demain. L'ambition est de produire des souches résistantes et performantes de vers de farine en développant des outils, des méthodes et des structures sur mesure inspirés des dernières technologies de pointe. Dans le cadre de ce projet, des travaux antérieurs ont récemment montré qu'il était possible d'optimiser la production de biomasse chez *T. molitor* en sélectionnant plusieurs caractéristiques qui ont un grand intérêt en production avec un fort potentiel génétique (Sellem et al., 2024).

L'objectif de ce travail était de présenter l'évolution des gains génétiques et phénotypiques réalisés au cours des générations sur les deux lignées mises en sélection dans le cadre du projet. Des conclusions sont tirées pour l'optimisation du programme d'amélioration génétique d'Ynsect.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

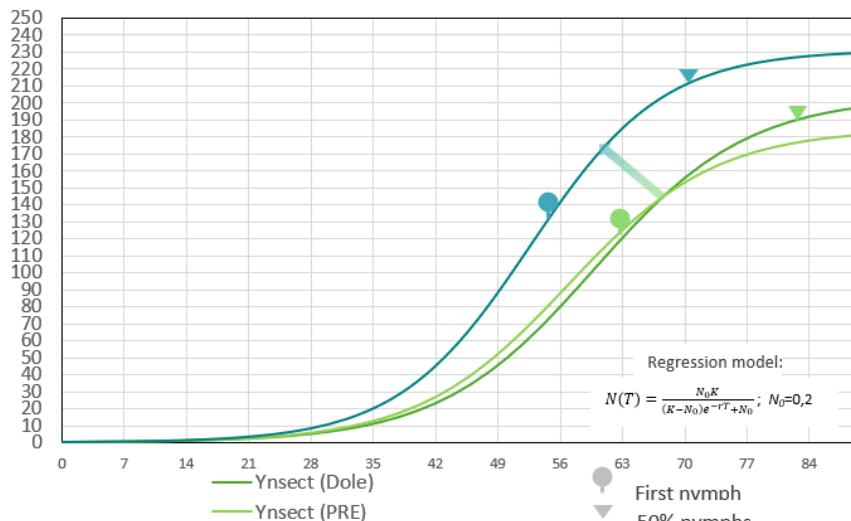
A partir des estimations de paramètres génétiques (héritabilités et corrélations génétiques), effectuées en première année du projet pour les différentes catégories de phénotypes d'intérêts, l'entreprise Ynsect a créé deux lignées sélectionnées sur la base des valeurs génétiques au cours des générations.

La première lignée est sélectionnée sur des caractères de croissance : le poids de la puppe (PW), le temps de développement (DTEP), le gain moyen journalier de masse individualisé entre 63 et 35 jours (ADG35_63) et la digestibilité cumulée à 63 jours (DIC63) qui a été remplacée par le caractère d'efficacité alimentaire cumulée à 63 jours (FCRc63) sur la dernière génération. Pour rappel, les objectifs de sélection de la lignée étaient de raccourcir DTEP avec une amélioration de l'ADG35_63 tout en stabilisant le FCRc63 (l'améliorer si possible). Et sur le poids PW, juste le garder en observation car nous avons constaté que ce caractère s'améliore même s'il n'est pas pris en compte dans les équations d'indexations.

La deuxième lignée est sélectionnée sur des critères de reproduction : le poids des adultes (AW), le nombre d'œufs journalier obtenus pour la ponte de rang 1 (DEL1), le taux d'éclosion à 21 jours (EHR) et nombre total d'œufs obtenus pour l'ensemble des pontes (TELC). Pour rappel, les objectifs de sélection étaient d'augmenter le TELC sans dégrader le DEL1 et l'EHR en les améliorant si possible. Et comme pour la lignée croissance, le poids est gardé juste en observation ; avec le remplacement du caractère ELDR (pour indice rendant compte de la réduction du nombre d'œufs fécondés par ponte, d'une ponte à l'autre) initialement sélectionné par le DEL1. Une réponse à la sélection favorable en termes de gain génétique a été observée pour les cinq générations de sélection et pour les deux

lignées, avec une évolution moyenne des gains génétiques pour tous les caractères en fonction des objectifs de sélection initiaux.

A partir des données de croissance mesurée au cours du temps, une régression logistique a été établie pour les différentes souches. Nous pouvons voir sur la figure ci-dessous l'évolution de la croissance larvaire entre la souche provenant directement de la ferme de Dole (Dole, PRE) avec la lignée croissance après 5 générations sous sélection (G11). Le temps pour arriver à un poids de récolte (120 mg) est grandement réduit (8 jours) entre les deux générations. En effet la souche provenant directement de la ferme met 62 jours pour arriver à 120 mg alors que la souche G11 mets 54 jours pour atteindre ce même poids. De la même manière, les insectes de la génération G11 nymphose avant la souche originelle (54 jours versus 62 jours pour la première nymphe).



Régression logistique de la croissance larvaire de la population initiale provenant de la ferme de Dole, versus la croissance larvaire (IMM, mg) de la génération G11 (5 générations sous sélection).

La mise en place de lignées sous sélection constitue un enjeu stratégique crucial pour la filière Ténébrion, car ces lignées améliorées devaient permettre à Ynsect d'être autonome dans la production de biomasses quantitatives et qualitatives.

Les premières générations des deux lignées sélectionnées montrent des résultats encourageants avec une évolution de gains génétiques constatés malgré le fait que les performances observées sont globalement en deçà des performances attendues en rapport avec l'héritabilité des caractères. Des efforts d'optimisation (évolution schéma de sélection, intégration de la génomique, ...) sont attendus pour une amélioration génétique encore plus conséquente.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

La mise en place de lignées sous sélection constitue un enjeu stratégique crucial pour la filière Ténébrion, car ces lignées améliorées devaient permettre à Ynsect d'être autonome dans la production de biomasses quantitatives et qualitatives, répondant à des critères d'intérêts spécifiques.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ce travail a été diffusé à l'adhérent lors de plusieurs réunions successives, et un rapport annuel d'activité de projet a été produit et rendu à l'adhérent.

Références bibliographiques citées :

Cortes Ortiz, J. A., A. T. Ruiz, J. A. Morales-Ramos, M. Thomas, M. G. Rojas, J. K. Tomberlin, L. Yi, R. Han, L. Giroud, and R. L. Jullien. 2016. Insect mass production technologies, pp. 154–201. In A. T. Dossey, J. A.

Sellem, E., Paul, K., Donkpegan, A., Li, Q., Masseron, A., Chauveau, A., ... & Lefebvre, T. (2024). Multitrait genetic parameter estimates in a *Tenebrio molitor* reference population: high potential for breeding gains. *animal*, 18(6), 101197

2.2.9. Paramètres génétiques de la production de gelée royale et effet du nombre de lattes [CASDAR Abeille ITSAP]

L'objectif de l'étude est d'étudier la prise en compte de l'effet du nombre de lattes dans les ruches du programme de sélection généalogique du groupement de production

État de l'art :

Pour la production de gelée royale, des greffes de larves sont effectuées dans de fausses alvéoles royales (appelé cupule) sur une latte. Ensuite, les lattes sont introduites dans une colonie (ruche élèveuse) et laissées quelques jours le temps que les ouvrières nourricières déposent de la gelée royale dans les cupules. Les lattes sont ensuite relevées pour extraire la gelée royale. Dans le cadre du programme de sélection conduit par les apiculteurs utilisent jusqu'à lattes en fonction de la force de production de chaque ruche et mesurent leurs productions sur les 5 premières levées (récoltes). Mais si une colonie dispose initialement de trop de lattes par rapport à sa capacité de production, elle peut sous-performer. Et si une colonie n'a pas assez de latte par rapport à sa production, elle peut aussi sous-performer, car sa capacité va être mal évaluée. De plus, la durée entre deux levées (récoltes) peut varier. Afin d'améliorer l'efficacité du programme et définir de bonnes pratiques sur la base d'informations scientifiquement établies il importe d'évaluer l'impact de ces pratiques d'élevage (nombre de latte et durée entre les levées) sur les estimations des valeurs génétiques, surtout si ces facteurs diffèrent au sein d'un même environnement (rucher).

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Il n'y a pas de contrainte. Les données nécessaires pour l'étude (nombre de lattes, durée entre les levées, cupules acceptées) sont renseignées dans la base de données du GPGR.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

La figure 1 illustre le poids de la gelée royale (2^e levée) en fonction du nombre de lattes. Plus le nombre de lattes est important, plus le poids de gelée royale est important. Ceci est attendu, car une colonie qui performe bien, on lui rajoute des lattes. Mais on peut se demander par exemple, si les 4 colonies avec 4 lattes en dessous des autres colonies ne sont pas biaisées ? Et inversement pour la colonie avec 3 lattes qui performe autant que les colonies avec 4 lattes. La figure 2 montre le nombre de cellules accepté en fonction du poids de gelée. On peut voir une corrélation entre le nombre de cellules accepté et le poids total (corrélation attendue). Mais pour une certaine colonie, le taux de cellule accepté peut-être aussi important entre des colonies avec 2 ou 3 lattes par exemple (ou entre 3 et 4 lattes). En parallèle à la réflexion précédente : la combinaison du poids de gelée royal et du nombre de cellules acceptées peut être un caractère d'intérêt pour favoriser les colonies qui remplissent bien les cellules et s'éparpillent moins.

Nous avons ensuite comparé deux modèles génétiques avec l'un ne prenant pas en compte le nombre de latte et l'autre avec cet effet considéré comme effet fixe. Si un modèle est bien ajusté, on doit observer une forme diffuse en « patate » entre les résidus et le poids de gelée (2^e levée).

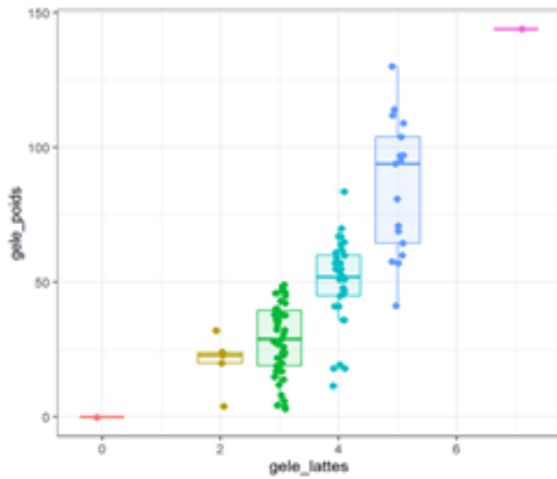


Figure 1 : Poids de gelée pour la seconde levée (axe y) en fonction du nombre de lattes (axe x)

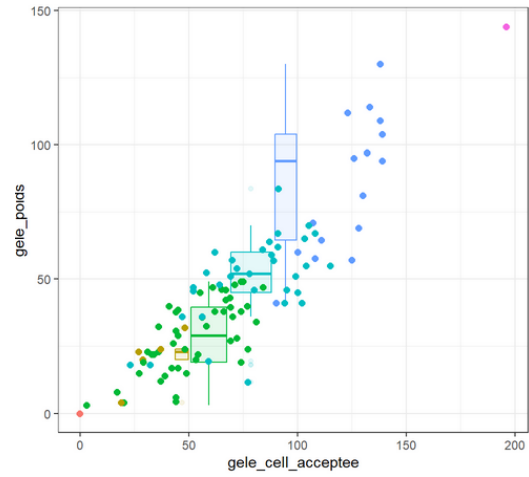
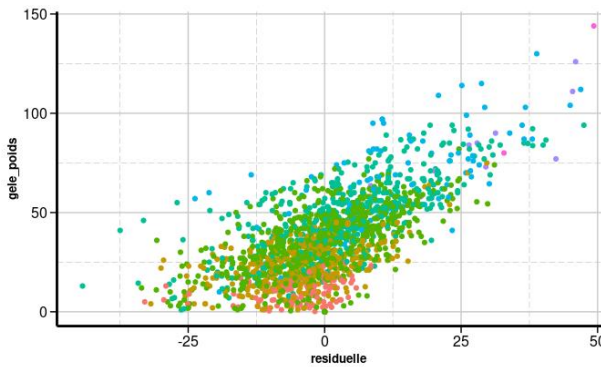
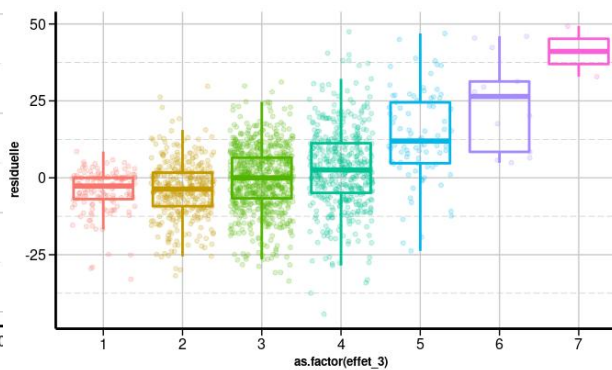


Figure 2 : Poids de gelée pour la seconde levée (axe y) en fonction du nombre de cellules acceptées (axe x)

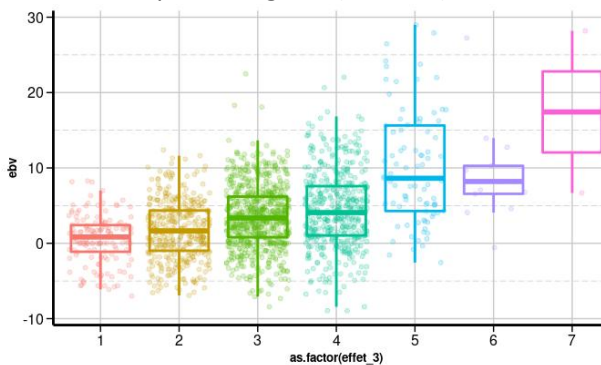
Les figures suivantes présentent le modèle génétique sans prise en compte du nombre de lattes.



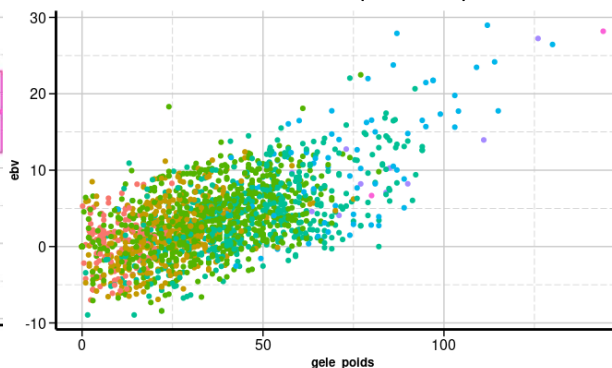
A – Résidus du modèle génétique en fonction du poids de gelée (2^e levée)



B – Résidus du modèle génétique en fonction du nombre de lattes (2^e levée)



C – Valeurs génétiques (EBV) en fonction du nombre de lattes (2^e levée)

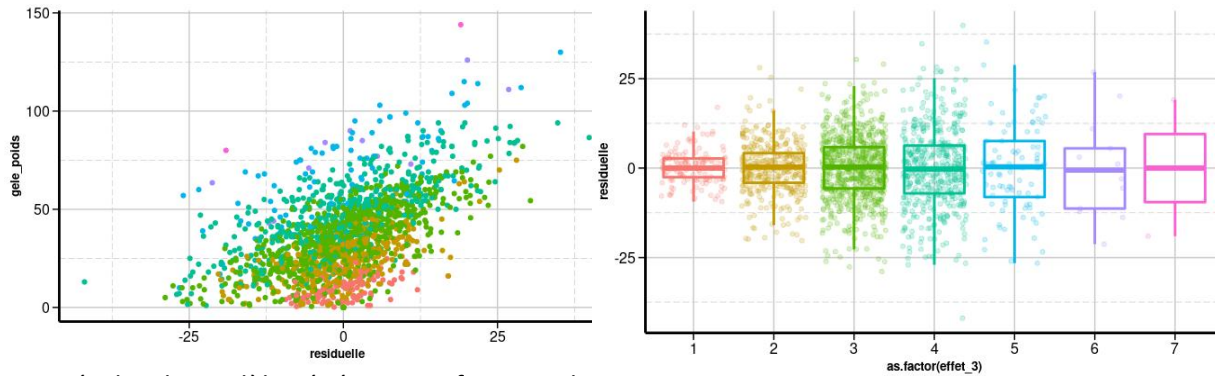


D – Valeurs génétiques (EBV) en fonction du poids de gelée (2^e levée)

Analyse du modèle génétique sans l'effet nombre de latte

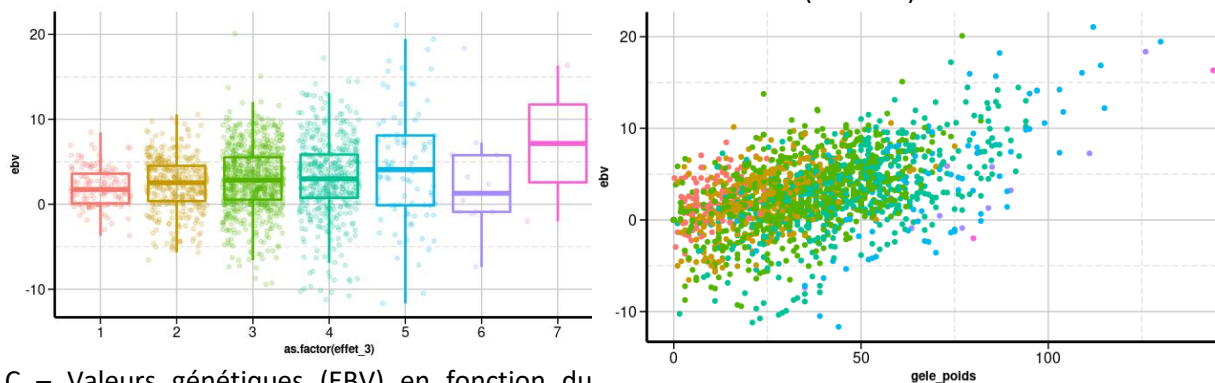
Pour la figure A, on observe une « patate » allongée entre les résidus et le poids de gelée royal, suggérant une structure des résiduelles non négligeable dans les données. La figure B, montre une corrélation entre les résidus et le nombre de lattes, ce qui indique que cet effet n'est pas correctement capturé par le modèle. Sur la figure C, les valeurs génétiques estimées (EBV) montrent également une corrélation avec le nombre de lattes. Cela peut être attendu, puisque les colonies dotées d'un plus

grand nombre de lattes ont en général de meilleures performances. Toutefois, cela soulève la question d'un biais potentiel si les apiculteurs n'évaluent pas le nombre de lattes avec la même rigueur, ce qui pourrait conduire à une sous ou sur classement de certaines colonies. Les figures suivantes montrent les résultats pour le même jeu de données, mais avec la prise en compte du nombre de lattes dans le modèle comme effet fixe.



A – Résidus du modèle génétique en fonction du poids de gelée (2^e levée)

B – Résidus du modèle génétique en fonction du nombre de lattes (2^e levée)



C – Valeurs génétiques (EBV) en fonction du nombre de lattes (2^e levée)

D – Valeurs génétiques (EBV) en fonction du poids de gelée (2^e levée)

Analyse du modèle génétique avec l'effet nombre de latte

La figure A, les résidus apparaissent moins structurés, indiquant une amélioration de l'ajustement du modèle et potentiellement une meilleure estimation des valeurs génétiques. Sur la figure B, la corrélation entre les résidus et le nombre de lattes disparaît, ce qui montre que la correction a bien été effective. La figure C montre que

On observe notamment une différence marquée entre

, beaucoup moins visible que dans le modèle précédent.

Le modèle avec l'effet latte permet en variance phénotypique, car l'effet latte capture une partie de cet effet. Les héritabilités sont

indiquant une meilleure

qualité d'ajustement malgré la pénalisation liée à l'ajout d'un effet fixe supplémentaire.

Dans cette première approche, l'inclusion

l'ajustement du modèle génétique. Le modèle corrige de manière satisfaisante cet effet. La corrélation de rang (Spearman) entre les valeurs génétiques estimées issues des deux modèles est très élevée. Cependant, lorsqu'on s'intéresse uniquement au top 10% des reines, cette corrélation chute à révélant un important reclassement des meilleures colonies. Il serait nécessaire de poursuivre l'analyse intra-génération pour savoir si le classement change beaucoup lors du choix des reines. De plus, il serait nécessaire de poursuivre l'analyse sur l'ensemble des levées et non

uniquement sur la deuxième levée. En effet, en intégrant les levées plus tardives dans l'indexation, il est possible que

de mémoire.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Cette étude permet d'étudier les améliorations possibles dans les modèles génétiques pour améliorer les estimations des valeurs génétiques.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Remise d'un rapport à L'ITSAP. Une présentation des _____ a été proposée.

2.2.10. Estimation des paramètres génétiques de la quantité de muscle rouge chez la truite arc-en-ciel mesurée par IA sur images échographiques [CASDAR]

La production de truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*) s'oriente de plus en plus vers des poissons de grande taille destinés à la fumaison. Le muscle rouge, facilement repérable par sa couleur brune, engendre des défauts de flaveur. Certains cahiers des charges imposent aux transformateurs d'éliminer ce muscle, entraînant une perte directe en matière première. L'objectif de ce projet est la mise en place d'une méthode de quantification non létale du muscle rouge, par échographie, et d'en estimer la composante génétique avant d'envisager l'intégration de ce caractère dans les programmes de sélection.

État de l'art :

Les facteurs impactant la proportion de muscle rouge chez les poissons ont jusqu'à présent très peu été étudiés. Certains paramètres physico-chimiques de l'eau, tel que la teneur en oxygène dissout, influent sur la croissance du muscle rouge (Lefèvre et al., 2007). Bien que l'héritabilité de la proportion de muscle rouge n'ait encore jamais été estimée, une forte réduction du nombre de fibres de muscle rouge a pu être observée par la sélection divergente sur la teneur en lipide intramusculaire de 2 lignées de truite arc-en-ciel (Quillet et al., 2005), suggérant l'existence d'une composante génétique du caractère. Les calculs des paramètres génétiques ont porté jusqu'à aujourd'hui sur une mesure globale du muscle rouge et du tissu adipeux sous-cutané associé (Kause et al., 2008). Des méthodes d'imagerie sur darne (photo, IRM) permettent la mesure de ces déchets de parage.

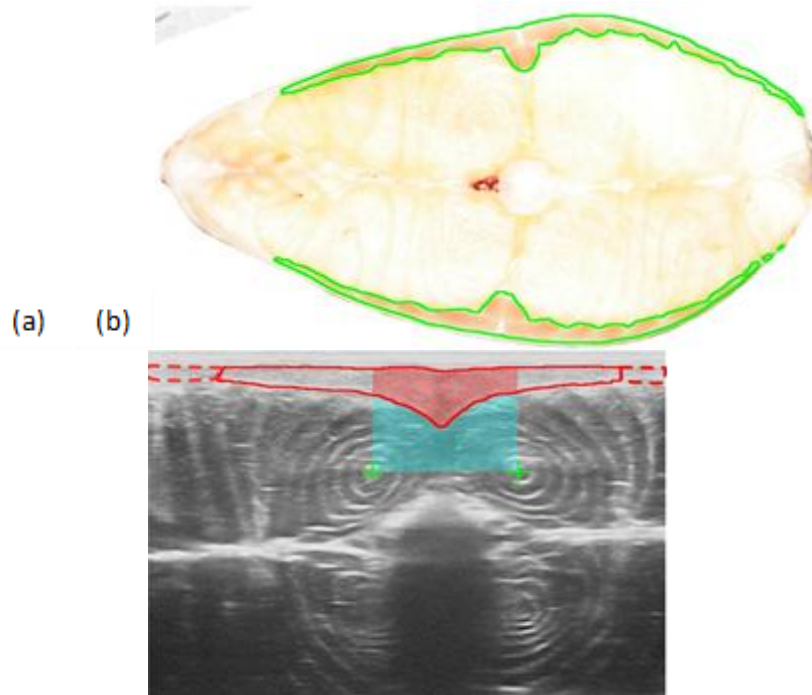
Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

A l'initiation du projet RedOUT, il n'existait pas de méthode de quantification du muscle rouge rapide. Il fallait mettre en place une méthode de référence, nécessitant le sacrifice d'un poisson, avant d'envisager le développement d'une méthode non létale. Peu d'outils autres que l'échographie permettent la visualisation musculaire sous-cutanée sur un individu vivant, et l'appareil doit fournir une image de qualité suffisante pour être interprétée. Définir le positionnement de la sonde pour la mesure est crucial pour obtenir une image interprétable et corrélée à la proportion de muscle rouge quantifiée par la méthode de référence. Enfin, bien que quelques précédents résultats suggéraient une variabilité génétique de la proportion de muscle rouge, aucune garantie ne certifiait que le caractère soit bien sélectionnable. Disposer d'une méthode de mesure à la fois simple et répétable est nécessaire pour répondre aux besoins de mesure sur un grand nombre d'individus dans des conditions de production pour une utilisation en sélection génétiques.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Une cohorte expérimentale de truite arc-en-ciel a été produite en 2020 par le croisement de 20 mâles et 20 femelles issues d'une lignée commerciale. A 18 mois, 779 individus ont été échographié au niveau de la nageoire caudale, puis la partie caudale a été congelée et un prélèvement ADN a été réalisé pour génotypage sur puce 57K et assignation de parenté. Une fine tranche de la partie caudale prélevée *a posteriori* été prise en photo pour quantifier le muscle rouge (MR) par intelligence artificielle. Parallèlement, la proportion de muscle rouge observable sur l'image échographique a été quantifiée par IA.

L'héritabilité de la proportion de muscle rouge mesurée par la méthode de référence est de 0,20 ($\pm 0,06$). L'héritabilité de la proportion de muscle rouge mesurée par échographie rapportée à la zone délimitée par le centre des myomères et leur projection jusqu'à la peau est plus élevée de 0,55 ($\pm 0,06$), et 0,37 ($\pm 0,06$) si la surface est rapportée au poids de l'individu. La corrélation génétique entre la méthode de référence et la mesure échographique est positive et s'élève à 0,63 ($\pm 0,13$).



Quantification de la proportion de muscle rouge (a) par IA sur une image de darne et (b) par échographie

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

La proportion de muscle rouge est donc un caractère héritable, qu'elle soit mesurée via la méthode de référence, nécessitant le sacrifice du poisson, ou de façon non létale par imagerie échographique. La corrélation génétique entre les 2 méthodes est modérée. Elle laisse néanmoins envisager la possibilité d'utiliser l'échographie comme moyen de diminuer la proportion de muscle rouge en sélectionnant directement parmi les candidats à la sélection associé à une augmentation possible de la pression de sélection par sélection massale.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces travaux ont été présentés à l'occasion de conférences nationales et internationales.

Références bibliographiques citées :

Kause, A., Stien, L.H., Rungruangsak-Torrissen, K., Ritola, O., Ruohonen, K., Kiessling, A., 2008. Image analysis as a tool to facilitate selective breeding of quality traits in rainbow trout. *Livestock Science* 114, 315–324. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2007.05.016>

Lefèvre, F., Aubin, J., Louis, W., Labbé, L., Bugeon, J., 2007. Moderate hypoxia or hyperoxia affect fillet yield and the proportion of red muscle in rainbow trout. <https://doi.org/10.26028/CYBIUM/2007-312-018>

Quillet, E., Le Guillou, S., Aubin, J., Fauconneau, B., 2005. Two-way selection for muscle lipid content in pan-size rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 245, 49–61. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2004.12.014>

2.2.11. Evaluation de la résistance de truites à la Nécrose pancréatique Infectieuse [LactoTruite FEAMPA Région Bretagne]

L'objectif de ce projet est de réaliser une épreuve infectieuse avec le virus de la Nécrose Pancréatique Infectieuse (NPI) sur un lot de collatérales de truites arc-en-ciel du sélectionneur partenaire du projet LactoTruite (Milin Nevez). Les résultats permettront d'évaluer le niveau de résistance de la population testée ainsi que les paramètres génétiques inhérents. Certains résultats confidentiel à ce stade sont masqués.

État de l'art :

La nécrose pancréatique infectieuse (NPI) est une maladie virale à forte prévalence en Europe qui affecte principalement les jeunes alevins de truites arc-en-ciel (TAC), générant de nombreuses pertes dans les élevages. C'est une maladie pour laquelle il n'y a pas de traitement prophylactique efficace. La sélection génétique est une alternative pouvant se révéler efficace pour améliorer la survie chez le saumon (Houston et al. 2010). Le couple virus de la NPI/TAC a déjà fait l'objet de travaux de R&D sur la plate-forme FORTIOR Genetics ou le protocole d'expérimentation est maîtrisé (D'Ambrosio et al. 2025).

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

La bonne conduite de cette expérimentation relèvera aussi bien de la sensibilité des poissons au virus que de la virulence de la production virale qui sera utilisée.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Le pré-test de cette expérimentation a été réalisé en 2025, qui a pour vocation de valider la production virale à utiliser lors du challenge d'évaluation. Pour cela, 2 productions virales (R-Réfrigérée et S – Surgelée) ont été testées en triplicata, chacune dans 3 bassins de 50 alevins. La contamination s'est faite au moyen d'une balnéation de 3h. Un bassin de 50 poissons témoins a reçu du surnageant stérile de culture cellulaire. Le test a été stoppé , la mortalité avait atteint pour la production S et pour la production R.



A l'issue de ce test, la production S a été choisie pour mener l'épreuve infectieuse de phénotypage de la résistance. Cette épreuve infectieuse sera menée en 2026.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ce projet est une sous-partie du projet LactoTruite au cours duquel la résistance de truites arc-en-ciel à deux pathogènes (lactococose et furunculose) sera évaluée. L'entreprise partenaire bénéficiera des données obtenues et des paramètres génétiques qui seront estimés. Ces résultats seront par ailleurs exploités avec les autres résultats qui seront générés en 2026 dans le projet LactoTruite.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les résultats de ce projet pourront être valorisés en 2026 et 2027 au cours de congrès, des journées techniques du SYSAAF.

Références bibliographiques citées :

Houston RD, Haley CS, Hamilton A, Guy DR, Tinch AE, Taggart JB, et al. Major quantitative trait loci affect resistance to infectious pancreatic necrosis in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Genetics*. 2008;178:1109–15

D'Ambrosio, J., François, Y., Morin, T. et al. High-density genome-wide association study points out major candidate genes for resistance to infectious pancreatic necrosis in rainbow trout. *Genet Sel Evol* **57**, 50 (2025). <https://doi.org/10.1186/s12711-025-00996-w>

2.2.12. Analyse des déterminants phénotypiques et génétiques de la résilience de la truite arc-en-ciel face au stress thermique chronique estival en pisciculture [HyperSelect FEAMPA]

La filière truiticole française doit faire face au réchauffement des eaux de surface, notamment lorsque la température peut s'approcher des seuils létaux pour la truite arc-en-ciel (environ 26°C (Kaya., 1978)). Ce réchauffement accroît le stress thermique subi par les animaux, compromettant ainsi leur bien-être, leurs performances zootechniques et *in fine* la viabilité économique des élevages. La sélection génétique apparaît comme solution d'adaptation des cheptels de production à ces bouleversements.

Ce travail a pour objectif initial d'investiguer des métriques pour la caractérisation de la résilience de la truite arc-en-ciel dans des conditions d'élevage subissant des hausses de température lors de la

période estivale. Les paramètres génétiques des indicateurs les plus pertinents ont ensuite été estimés afin d'évaluer le potentiel d'amélioration par la sélection génétique.

État de l'art :

Plusieurs études ont été réalisées afin d'estimer l'héritabilité des caractères de tolérance au stress thermique aiguë chez la TAC, ainsi que leurs corrélations génétiques avec d'autres caractères d'intérêt pour les programmes de sélection (Perry et al., 2005; Lagarde et al., 2023). Or il est aussi important de considérer l'augmentation chronique de la température sur de plus longues durées, notamment en été lorsque les températures de l'eau peuvent dépasser les valeurs d'optimum thermique des individus pendant plusieurs semaines. Ainsi, Gallardo-Hidalgo et al (2020) ont réalisé un challenge hyperthermique sur la truite arc-en-ciel avec une première phase d'acclimatation et une montée progressive de la température de l'eau maintenue entre 18 et 22°C pendant 62 jours. L'héritabilité estimée pour la durée de survie dans ces conditions était de $0,56 \pm 0,09$. Ces résultats montrent un potentiel d'amélioration du caractère via la sélection génétique.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

La tolérance à l'hyperthermie a, jusqu'à maintenant, été mesurée via des caractères relativement figés dans le temps, souvent évalués par des critères binaires (survie) ou des performances ponctuelles (gain de poids sur une période d'hyperthermie). Ce type d'évaluation ne permet pas de saisir la dynamique de réponse des individus notamment dans des contextes thermiques hautement fluctuants, comme c'est souvent le cas en élevage truiticole où les températures peuvent aussi varier fortement de jour en jour et au cours des saisons. Ainsi, au-delà de critères de tolérance ponctuels classiquement utilisés, la notion de résilience, récemment mise en avant dans la littérature (Aththar et al., 2024 ; Mengistu et al., 2023), offre un cadre d'analyse plus intégré, permettant de prendre en compte la réponse à long terme des poissons face aux stress thermiques. Sa mesure peut notamment être faite avec le Invar, le logarithme de la variance des déviations (ici du poids par rapport aux poids moyen de la cohorte, sur 4 à 5 biométries). C'est un indicateur de l'homogénéité de la croissance individuelle par rapport à la moyenne, plus le Invar est faible, plus la croissance est homogène et donc plus l'individu est considéré comme résilient (Aththar et al., 2024 ; Mengistu et al., 2023). L'évaluation de l'impact des conditions environnementales d'élevage restent dépendante de facteurs climatiques non maîtrisables. Dans ces conditions de nombreux facteurs non contrôlés ou mal contrôlés impactent les poissons, que ce soit la température de l'eau, mais aussi le pH, l'oxygène ou encore l'alimentation.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Cette étude compare les performances d'élevage dans deux piscicultures de l'entreprise Aqualande : 1) Brusque, le site de sélection (eau de source à 14 °C toute l'année), et 2) Pissos, un site de production sur un cours d'eau faisant face de plus en plus fréquemment à des périodes de forte température de l'eau en période estivale. Les températures de l'eau sur le site de Pissos ont varié de 6 à 20°C (moyenne journalière) sur la période d'élevage. Des lots diploïdes ont été placés sur chacune des piscicultures, un lot triploïde issu d'un croisement de géniteurs identiques a également été placé sur la pisciculture de production pour comparer les paramètres génétiques avec ceux des diploïdes.

Les effets des différents paramètres biotiques et abiotiques sur la mortalité ont été analysés, et les paramètres génétiques (héritabilité, corrélation génétique entre caractères et entre sites) estimés pour les caractères de croissance, de rendement, de tolérance et de résilience.

Les résultats montrent que la phase estivale influence fortement la survie et la croissance des animaux et que l'hyperthermie n'est pas l'unique facteur explicatif. Ils montrent aussi que diploïdes et triploïdes ont le même niveau de tolérance face à l'hyperthermie estivale, avec des croissances et survies similaires. Les familles ayant les gains de poids estival les plus élevés à Pissos diffèrent de celles qui performant le mieux en conditions constantes à Brusque. Cependant, les corrélations génétiques inter-sites pour le poids à l'abattage et les rendements de découpe sont fortes. La mesure du Invar pour quantifier la résilience a été étudiée, mais son héritabilité est nulle.

Voici les héritabilités dans les sites de production et de sélection et les corrélations génétiques intersites des caractères principaux :

Caractère	Héritabilité (Production)	Héritabilité (Sélection)	Corrélation génétique intersites
Poids à l'abattage	0.31 (0.08)	0.26 (0.07)	0.74 (0.16)
Gain de poids corrigé estival	0.22 (0.07)	0.18 (0.06)	0.57 (0.28)
Invar	0.05 (0.04)	0.05 (0.04)	-----
Rendement carcasse éviscérée étêtée	0.53 (0.08)	0.53 (0.08)	0.87 (0.07)

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces travaux confirment l'intérêt de l'élevage de poissons collatéraux en pisciculture de production à température variable pour la sélection des candidats élevés en milieu contrôlé à température constante. De plus c'est la première estimation de l'héritabilité du Invar sur cette espèce. On peut penser que des températures plus élevées sont nécessaires pour observer une plus grande variance et obtenir une héritabilité significative.

Cette étude a aussi permis de mettre en avant l'absence de différence entre diploïdes et triploïdes dans les conditions d'une pisciculture de production en période estivale, ce qui va à l'encontre de ce qui est généralement admis par la littérature scientifique et les pisciculteurs, c'est-à-dire que les triploïdes seraient plus sensibles. Ces résultats doivent être confirmés dans d'autres sites et potentiellement aussi d'autres génotypes avant généralisation.

Ces résultats innovants apportent des réponses concrètes qui permettront d'ajuster les programmes de sélection des sélectionneurs.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces travaux ont été présentés lors des journées inter-filières du SYSAAF en octobre 2025.

Références bibliographiques citées :

- Aththar, M.H.F. et al. (2024) « Log Transformed Variance (Lnvar) from Individual Growth Curves as a Potential Indicator of Resilience in Nile Tilapia (*Oreochromis Niloticus*) ». Rochester, NY: Social Science Research Network. Available at: <https://doi.org/10.2139/ssrn.4890363>.
- Gallardo-Hidalgo, J. et al. (2021) 'Genetics of growth and survival under chronic heat stress and trade-offs with growth- and robustness-related traits in rainbow trout', *Aquaculture*, 531, p. 735685. Available at: <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.735685>.
- Kaya, C. (1978) Thermal Resistance of Rainbow Trout from a Permanently Heated Stream, and of Two Hatchery Strains, *The Progressive Fish-Culturist*, Volume 40, Issue 4, Pages 138–142, [https://doi.org/10.1577/1548-8659\(1978\)40\[138:TRORTF\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1577/1548-8659(1978)40[138:TRORTF]2.0.CO;2)
- Lagarde, H. et al. (2023) 'Genetic architecture of acute hyperthermia resistance in juvenile rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) and genetic correlations with production traits', *Genetics Selection Evolution*, 55(1), p. 39. Available at: <https://doi.org/10.1186/s12711-023-00811-4>.
- Mengistu, S.B. et al. (2022) 'Fluctuations in growth are heritable and a potential indicator of resilience in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)', *Aquaculture*, 560, p. 738481. Available at: <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2022.738481>.
- Perry, G.M.L. et al. (2005) 'Genetic parameters for upper thermal tolerance and growth-related traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*)', *Aquaculture*, 250(1–2), pp. 120–128. Available at: <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2005.04.042>.

2.2.13. Analyse de la résilience, de la croissance et de la survie lors d'un challenge hyperthermique chronique sur des truites arc-en-ciel. [HyperSelect FEAMPA]

La filière truiticole française doit faire face au réchauffement des rivières, notamment lors de la période estivale, lorsque la température peut s'approcher des seuils létaux pour la truite arc-en-ciel. Ce réchauffement accroît le stress thermique subi par les animaux, compromettant ainsi leur bien-être, leurs performances zootechniques et *in fine* la viabilité économique des élevages. Un challenge hyperthermique chronique long sur quelques semaines pourrait permettre de sélectionner les animaux les plus tolérants et résilients face au stress thermique chronique en conditions contrôlées, à conditions que les caractères de tolérance et résilience étudiés soient héréditaires. L'objectif de cette étude est donc d'estimer les paramètres génétiques de la croissance, de la survie et de la résilience lors d'un challenge de stress hyperthermique long, afin de savoir si un tel challenge pourrait être intéressant pour la sélection commerciale.

État de l'art :

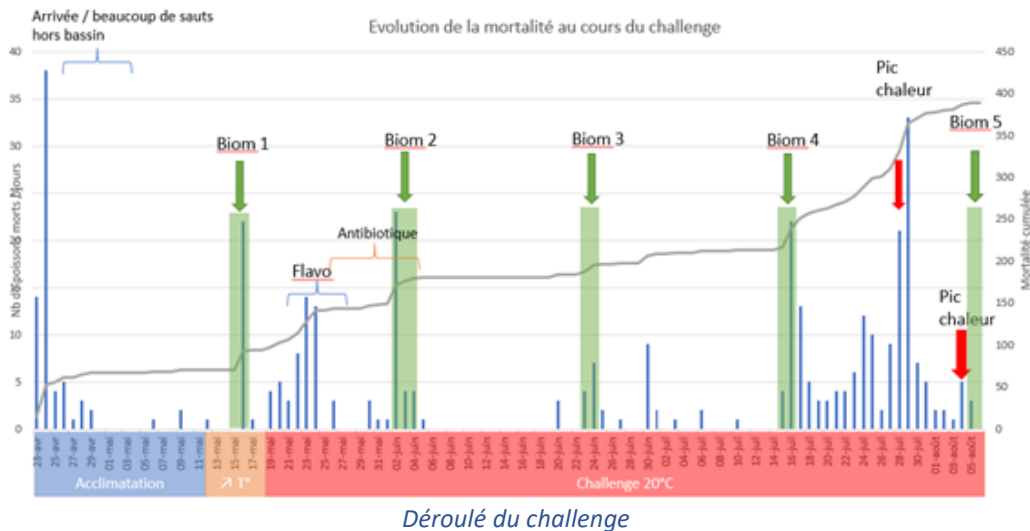
Gallardo-Hidalgo et al (2020) ont réalisé un challenge hyperthermique sur 71 jours au total, avec une température d'acclimatation initiale de 14°C, une augmentation de 1°C/j pendant 9 jours puis un maintien de la température entre 18 et 22°C pendant 62j. Le caractère étudié ici pour la tolérance à l'hyperthermie était le jour de la mort des individus. L'hérédité trouvée pour ce caractère était de 0,56 (0,09). Ces résultats montrent un potentiel d'amélioration du caractère via la sélection génétique. La tolérance à l'hyperthermie a, jusqu'à maintenant, été mesurée via des caractères relativement figés dans le temps, souvent évalués par des critères binaires (survie) ou des performances ponctuelles (gain de poids sur une période d'hyperthermie). Ce type d'évaluation ne permet pas de saisir la dynamique de réponse des individus notamment dans des contextes thermiques hautement fluctuants, comme c'est souvent le cas en élevage truiticole où les températures peuvent varier fortement de jour en jour et au cours des saisons. Ainsi, au-delà de critères de tolérance ponctuels classiquement utilisés, la notion de résilience, récemment mise en avant dans la littérature (Aththar et al., 2024 ; Mengistu et al., 2023), offre un cadre d'analyse plus intégré, permettant de prendre en compte la réponse à long terme des poissons face aux stress thermiques.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Une épidémie de flavobactériose a touché deux bassins lors des premiers jours du challenge, ce qui a perturbé le challenge. Il est donc possible que les résultats soient biaisés et que les individus les plus résilients et tolérants au challenge ne soient pas forcément les plus résilients et tolérants en l'absence de cet épisode infectieux.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Le challenge hyperthermique long a été réalisé sur une durée de 78 jours. Après 2 semaines d'acclimatation, la température a été progressivement montée jusqu'à 20°C en quelques jours puis maintenue à cette température pendant 78 jours. Au 70^{ème} jour et 77^{ème} jour la température a été montée à 24°C pendant 24h. Plusieurs biométries ont été réalisées, une juste avant le début du challenge, une à la fin et 3 intermédiaires, espacées d'environ 2 semaines. Les dates de mort des poissons morts durant le challenge ont été notées. La figure 1 permet de visualiser le déroulé du challenge :



Les résultats montrent que les poids et les gains de poids corrigés des animaux entre chaque biométrie ainsi que le gain de poids total sur le challenge sont héréditaires (entre 0.14 et 0.38). La mesure de la résilience des individus par le *lnvar* est aussi héréditaire (0.14 ± 0.06) et négativement corrélée (-0.52 ± 0.39) avec le gain de poids total. Les animaux les plus résilients (*lnvar* faible) ont donc tendance à avoir un meilleur gain de poids sur le challenge.

La survie est aussi héréditaire (0.20 ± 0.09) et n'est corrélée à aucun autre caractère d'intérêt. On observe de fortes différences de survie entre les meilleures et les moins bonnes familles.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Cette étude a permis de montrer qu'il est possible de sélectionner pour la résilience dans des conditions de challenge hyperthermique chronique. Il montre aussi qu'il est possible de sélectionner pour la croissance dans ces conditions, et que la sélection sur la croissance en condition hyperthermique longue ne défavorise pas la résilience, voir l'améliore légèrement. Cela a aussi permis de montrer qu'il est possible de sélectionner pour de la survie dans ces conditions, ce qui est très original. Il est donc possible de sélectionner des animaux plus tolérants et résilients face à l'hyperthermie chronique grâce à un challenge en conditions contrôlées.

Références bibliographiques citées :

Aththar, M.H.F. et al. (2024) « Log Transformed Variance (*Lnvar*) from Individual Growth Curves as a Potential Indicator of Resilience in Nile Tilapia (*Oreochromis Niloticus*) ». Rochester, NY: Social Science Research Network. <https://doi.org/10.2139/ssrn.4890363>.

Gallardo-Hidalgo, J. et al. (2021) 'Genetics of growth and survival under chronic heat stress and trade-offs with growth- and robustness-related traits in rainbow trout', *Aquaculture*, 531, p. 735685. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.735685>.

Mengistu, S.B. et al. (2022) 'Fluctuations in growth are heritable and a potential indicator of resilience in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)', *Aquaculture*, 560, p. 738481. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2022.738481>.

2.2.14. Estimation des paramètres génétiques de la survie au champ sur une année complète chez l'huitre creuse (*Cassostrea gigas*) [ShellFishBoost UE-SBEP]

L'objectif du projet est d'estimer les paramètres génétiques de résistance de l'huître creuse *Crassostrea gigas* aux mortalités en élevage causées par *Vibrio Aestuarianus*. Les analyses se concentrent sur l'estimation des héritabilités et les corrélations entre la survie et la croissance mesuré individuellement au champ sur l'estran. La finalité est d'évaluer le potentiel de sélection du caractère de résistance à la vibriose via un challenge au champ.

État de l'art :

La production d'huître creuse *Crassostrea gigas* est régulièrement menacée par des épisodes de mortalité massive, constituant un enjeu majeur pour la filière conchylicole. Depuis 2012, des niveaux élevés de mortalité ont été rapportés chez des huîtres adultes de taille marchande (Mazaleyrat et al., 2022 ; Jourdan, 2023), entraînant des taux de mortalité cumulés moyens d'environ 30 %, pouvant dépasser 70 % dans certains cas (Travers et al., 2014). Parmi les agents pathogènes impliqués dans les mortalités estivales des huîtres adultes, la bactérie *Vibrio aestuarianus* a été identifiée comme l'une des principales responsables (Dégremont, 2020 ; Azéma et al., 2016). La sélection génétique apparaît comme une potentielle solution afin de favoriser l'élevage d'individus génétiquement plus résistants à la vibriose. Dans ce contexte, l'estimation des paramètres génétiques de résistance de l'huître creuse semble essentielle pour concevoir un programme de sélection efficace.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

L'efficacité d'une sélection contre la vibriose basée sur les données de terrain a été testé que de façon limitée. Les expérimentations réalisées au champ permettent d'obtenir des résultats en prenant en compte des contraintes réelles d'élevage et des facteurs environnementaux peu contrôlables. L'estimation des paramètres génétiques pour des huîtres placées en condition d'élevage est encore peu connu.

	Survie
Survie	0.20 (0.04)
Poids	-0.44 (0.34)
Longueur	-0.53 (0.33)
Largeur	-0.12 (0.33)
Hauteur	-0.24 (0.60)
Longueur/largeur	-0.43 (0.39)

Travaux de recherche réalisé en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les analyses portent sur 763 huîtres placées sur le site d'Asnelle (Normandie) pendant un an. Le relevé des morts a été réalisé à sept reprises au cours du challenge, les biométries ont été effectuées au début et à la fin du challenge. L'héritabilité de la survie au challenge a été estimée, ainsi que les corrélations entre les biométries (mesurées au début du challenge) et la survie. Les résultats figurent dans le Tableau 1.

	Survie
Survie	0.20 (0.04)
Poids	-0.44 (0.34)
Longueur	-0.53 (0.33)
Largeur	-0.12 (0.33)
Hauteur	-0.24 (0.60)
Longueur/largeur	-0.43 (0.39)

L'héritabilité de la survie au challenge est estimée à 0,20, confirmant un potentiel de sélection modéré. Le caractère de survie montre des corrélations négatives avec les caractères de croissance (longueur, largeur, hauteur, poids). Néanmoins, les erreurs standards élevées montrent une précision limitée des estimations.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces travaux ont été présentés à Vendée Naissain, en réunion de suivi du projet et feront l'objet d'une publication scientifique et d'une présentation au congrès Aquaculture Europe 2026.

Références bibliographiques citées :

Agreste, 2022. Conchyliculture en 2020 : baisse de la production d'huîtres, hausse pour les moules. Primeur n° 2022-6. Disponible sur : <https://agreste.agriculture.gouv.fr/agreste-web/disaron/Pri2206/detail/>

Azéma, P., Travers, M.-A., Benabdelmouna, A., Dégrement, L., 2016. Single or dual experimental infections with *Vibrio aestuarianus* and OsHV-1 in diploid and triploid *Crassostrea gigas* at the spat, juvenile and adult stages. *J. Invertebr. Pathol.* 139, 92–101. <https://doi.org/10.1016/j.jip.2016.08.002>.

Mazaleyrat A., Normand J., Dubroca L., Fleury E., 2022. A 26-year time series of mortality and growth of the Pacific oyster *C. gigas* recorded along French coasts | Scientific Data. <https://www.nature.com/articles/s41597-022-01511-2>

Jourdan, A. Mise En Place de La Sélection Génomique Chez l'huître Creuse *Crassostrea Gigas*. Theses, Université de La Rochelle, 2023. <https://theses.hal.science/tel-04507472>

Travers M.-A., Dégrement L., de Lorgeril J., Azema P., Montagnani C., Benabdelmouna A., Nicolas, J.-L., Le Roux F., 2014. Mortalités d'huîtres Creuses Adultes (*Crassostrea Gigas*) et Infection à *Vibrio Aestuarianus* - AESTU. Archives Ifremer.

Azéma, P.; Travers, M.-A.; Benabdelmouna, A.; Dégrement, L. Single or Dual Experimental Infections with *Vibrio Aestuarianus* and OsHV-1 in Diploid and Triploid *Crassostrea Gigas* at the Spat, Juvenile and Adult Stages. *Journal of Invertebrate Pathology* 2016, 139, 92–101.

3. AE3 : Ingénierie génétique pour le maintien de la compétitivité des acteurs de la filière

L'objectif de cet axe de R&D est d'œuvrer pour le maintien et l'amélioration de la compétitivité des acteurs de la génétique bénéficiant d'un appui du SYSAAF. Cet axe se décline en une 1^{ère} tâche visant à développer et optimiser les schémas de sélection, et une 2^{nde} portant sur l'intégration dans les schémas de nouveaux caractères à portée agroécologique ou répondant à des attentes sociétales.

Pour les entreprises ou les organismes ne réalisant pas encore de sélection, le 1^{er} pas vers une recherche de compétitivité dans le secteur de la génétique consiste à développer et mettre en place un schéma de sélection. Cette étape nécessite des travaux de R&D, en particulier pour les espèces et populations nouvellement sélectionnées. L'optimisation des schémas de sélection avicoles, aquacoles et entomocoles peut ensuite être envisagée via différents leviers. Dans une démarche de recherche d'efficacité, les travaux de simulation des schémas peuvent apporter des éléments de décision pour un dimensionnement et/ou une organisation optimale du schéma en fonction des objectifs du sélectionneur en termes de progrès génétique et de gestion de la diversité, et de ses moyens. La compétitivité des schémas peut également être améliorée via la mise en place de la sélection génomique, et si possible en minimisant les coûts de génotypage. Enfin, tout schéma de sélection génère un volume important de données, nécessitant à la fois des outils de saisie et de stockage adaptés au schéma de sélection, et ensuite des scripts de traitement répondant aux besoins à la fois en termes de rapidité de traitement des données, et en termes d'informations apportées aux sélectionneurs pour la gestion de leur schéma. Des phases de R&D sont nécessaires pour de bonnes performances à tous les niveaux de cette chaîne de traitement : renouvellement des outils informatiques, évolution des outils de saisie, accueil de nouvelles espèces en base de données, amélioration des processus d'analyse et de vérification des données moléculaires, ajout de nouvelles fonctionnalités aux outils de choix optimisés.

Au-delà de l'efficacité des schémas, des premières étapes de leur conception à la collecte jusqu'au traitement des données, les travaux de R&D portent également sur la prise en compte de nouveaux enjeux. Dans la plupart des filières, les premiers travaux de sélection portent sur l'augmentation de la production (volumes, quantités). Ces dernières années ont vu apparaître de nouveaux enjeux pour la sélection, dont en particulier des attentes sociétales en matière de bien-être animal, et la nécessité de préparer les animaux aux changements agroécologiques. La prise en compte de ces besoins est un enjeu majeur à relever pour les entreprises de sélection, et font l'objet de travaux de R&D pour arriver à une prise en compte de ces attentes dans les schémas de sélection.

3.1. Optimiser les schémas de sélection (efficacité/coût) par l'apport des meilleures technologies disponibles (simulation - génomique - modèles et informatique)

Compétitivité via le pilotage et l'optimisation de schémas par simulation

En espèces entomocoles, la mise en place de lignées sous sélection en est à ses débuts. Dans le contexte de sa mission d'appui aux activités génétiques de la filière abeille, une première étape a été pour le SYSAAF d'analyser le fonctionnement et l'organisation du schéma de sélection NAPS (action 3.1.1), afin de pouvoir ultérieurement proposer des évolutions et optimisations. En espèces avicoles, le démarrage du programme RESIGEN s'est concrétisé dans le lot 1 par une étude de benchmarking afin de choisir le package R le plus adapté pour développer de futurs simulateurs de schémas de sélection (action 3.1.2), et le package retenu a été utilisé pour créer un 1^{er} simulateur pour la perdrix. Au cours du développement de ce simulateur, il a été constaté que le paramétrage de l'index et du

niveau d'augmentation de la parenté représentait une tâche complexe et chronophage, une méthode d'optimisation bayésienne a donc été développée avec succès (action 3.1.3) pour répondre à cette problématique. Pour les espèces aquacoles qui bénéficient d'un peu plus d'antériorité dans la création de simulateurs de schémas, ces simulateurs déjà développés ont permis de proposer dans les schémas de sélection des optimisations du ratio nombre d'individus candidats/nombre d'individus phénotypés à cout de génotypage constant (action 3.1.4), et de tester l'effet de la réduction du nombre de challenges en conditions contrôlées sur le gain génétique (action 3.1.5)

3.1.1 : Analyse d'un schéma de sélection abeille [Casdar ITSAP]

L'objectif de cette action est l'analyse en vue d'optimisations futures des pratiques génétique du programme de sélection du groupe , qui est un schéma de sélection travaillant sur la production de miel. Certains résultats sont masqués pour préserver la confidentialité à ce stade.

État de l'art :

Il existe très peu d'analyse d'efficacité de programmes de sélection en apiculture (Guichard et al., 2020 ; Kistler et al., 2026).

apiculteurs ayant initié une stratégie de sélection collective pour être autonome dans leurs choix génétiques.

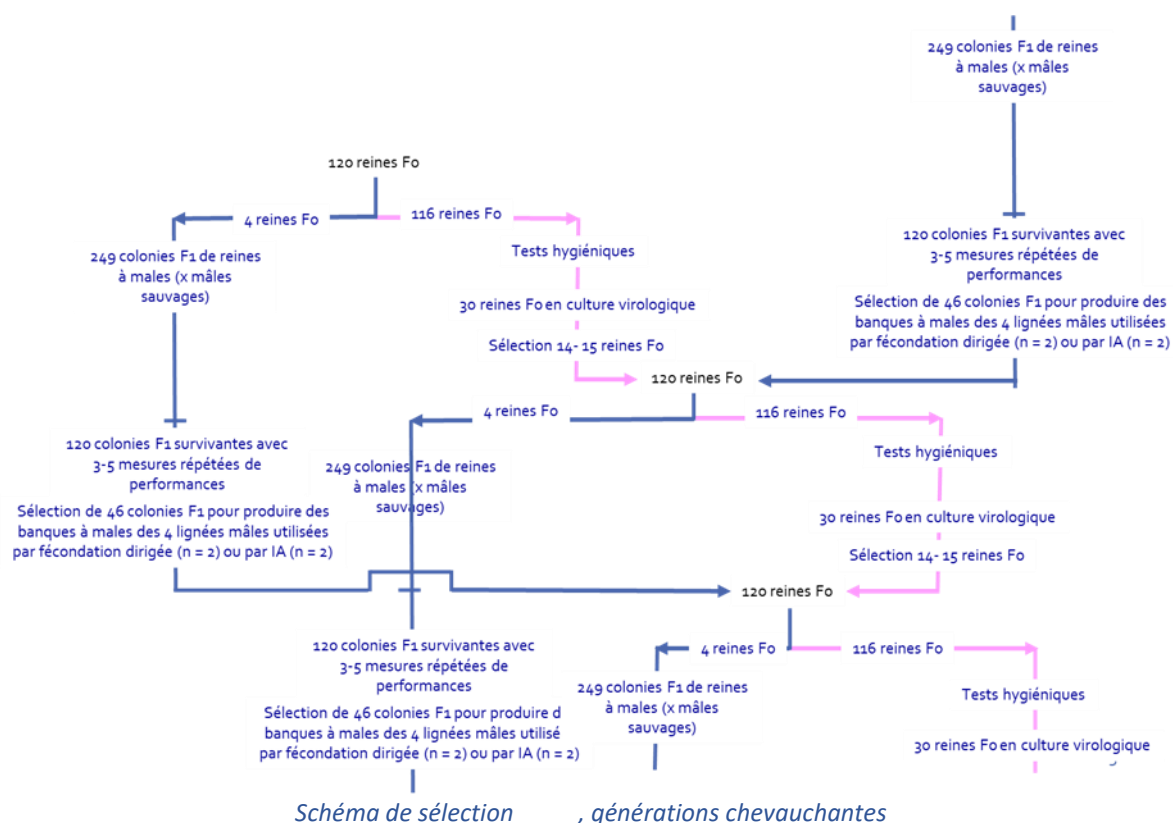
Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

La principale difficulté dans cette action était d'aboutir à une compréhension et à une formalisation exacte les cycles de production d'animaux, les flux au sein du schéma et les étapes de sélection appliquées.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Le travail a été conduit par

a mis à disposition ses données de sélection qui ont été remises en forme dans l'outil temporaire de base de données développé dans le cadre du projet. Les discussions ont permis de dessiner le schéma de sélection afin de caractériser les étapes clés du schéma (sélection, phénotypage, reproduction, effectif ...).



De façon synthétique :

- Le schéma de sélection piloté vise en priorité la sécurisation de l’approvisionnement sanitaire en reines de qualité sanitaire et de performances contrôlées.
- Les pressions de sélection génétiques par caractère sélectionnés sont limitées multi-caractères, intra-famille et uniquement sur une voie.
- Il existe des recroisements entre origines familiales plus proches que cousines, avec un nombre limité d’origines fondatrices
- L’intervalle entre génération est actuellement très court

Acquisition des connaissances, intérêt pour l’entreprise ou la filière :

Le travail a permis pour la première fois une analyse des pratiques génétiques . Ces travaux serviront de base pour proposer des améliorations afin de travailler sur le progrès génétique et la gestion des apparentements.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Cette étude a été présentée au groupe de sélection

Références bibliographiques citées :

T. Kistler, B. Basso, A. Lauvie, F. Phocas. Beekeepers’ preferences for honeybee breeding goals: a French case study. bioRxiv 2026.01.28.701934; doi: <https://doi.org/10.64898/2026.01.28.701934>
 Guichard M, Neuditschko M, Soland G, Fried P, Grandjean M, Gerster S, et al. Estimates of genetic parameters for production, behaviour, and health traits in two Swiss honey bee populations. Apidologie. 2020; 51:876–91.

3.1.2: Développement de simulateurs de schéma de sélection avicole : benchmarking et développement pour la perdrix [RESIGEN – France2030]

Le développement d'outils de simulation stochastique de schémas de sélection, tels que AlphaSimR (Gaynor et al., 2021) et MoBPS (Pook et al., 2020), a ouvert la voie à la création de jumeaux numériques de lignées avicoles. Bien que largement utilisés en recherche académique, ces outils diffèrent en termes de performances, de flexibilité et de courbe d'apprentissage. Par ailleurs, indépendamment du logiciel retenu, la simulation d'un schéma de sélection soulève des questions méthodologiques majeures concernant le paramétrage de certaines étapes clés, telles que la génération des fondateurs, les méthodes d'évaluation génétique ou les stratégies de choix des reproducteurs. Ces étapes critiques nécessitent des analyses dédiées afin d'en assurer une implémentation rigoureuse et cohérente avec la réalité du programme de sélection.

Dans ce contexte, les objectifs de cette étude sont : (1) de réaliser une comparaison bibliographique et appliquée de ces deux outils afin d'identifier celui le plus adapté à la simulation de schémas de sélection avicole ; (2) d'explorer l'impact du paramétrage de certaines étapes critiques du schéma ; et (3) de développer un premier simulateur opérationnel du schéma de sélection d'une lignée de perdrix rouge.

État de l'art :

Les logiciels AlphaSimR et MoBPS ont déjà été utilisés pour simuler des schémas de sélection avicole, notamment chez les poules pondeuses (Büttgen et al., 2025; Pocrnic et al., 2023) et les poulets de chair (de Hollander et al., 2025). Toutefois, leurs interfaces de programmation diffèrent sensiblement. AlphaSimR repose sur une logique modulaire et granulaire, composée de fonctions spécialisées laissant à l'utilisateur la responsabilité d'orchestrer l'algorithmique du simulateur (Gaynor et al., 2021). À l'inverse, MoBPS propose un nombre plus restreint de macro-fonctions dont le comportement est largement déterminé par leurs arguments (Pook et al., 2020). Ces différences de conception peuvent influencer la flexibilité, la reproductibilité et la maîtrise du paramétrage du schéma simulé, ce qui justifie une comparaison appliquée des deux outils afin d'implémenter un schéma de sélection d'une lignée de perdrix rouge. Ce schéma diffère des schémas avicoles précédemment simulés à la fois par la biologie de l'espèce, par la structure des accouplements et par les effectifs reproducteurs. Par exemple, la perdrix se reproduit en couple, contrairement aux poules pondeuses et aux poulets de chair pour lesquels les accouplements sont organisés en parquets. Par ailleurs, le déséquilibre de liaison étant plus court chez la perdrix rouge (Ros-Freixedes et al., 2023) que chez la poule pondeuse (Hérault et al., 2018), cela nécessite d'ajuster le paramétrage de la simulation des individus fondateurs de la lignée.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Bien que des documentations existent pour AlphaSimR et MoBPS, aucune étude n'a analysé l'impact de certains paramètres structurants sur les propriétés génétiques des populations simulées. En particulier, le paramétrage de la génération des haplotypes fondateurs conditionne le déséquilibre de liaison simulé. Or, celui-ci diffère chez la perdrix rouge par rapport aux espèces avicoles déjà étudiées, sans recommandations méthodologiques disponibles. Un paramétrage inadapté pourrait biaiser la structure génétique simulée et compromettre la validité des résultats.

Par ailleurs, l'estimation des paramètres génétiques à partir des données réelles de la lignée représente un coût computationnel non négligeable, susceptible d'allonger significativement les temps de simulation. Il est donc nécessaire d'identifier des alternatives plus rapides sans dégrader la concordance entre évolutions génétiques simulées et observées.

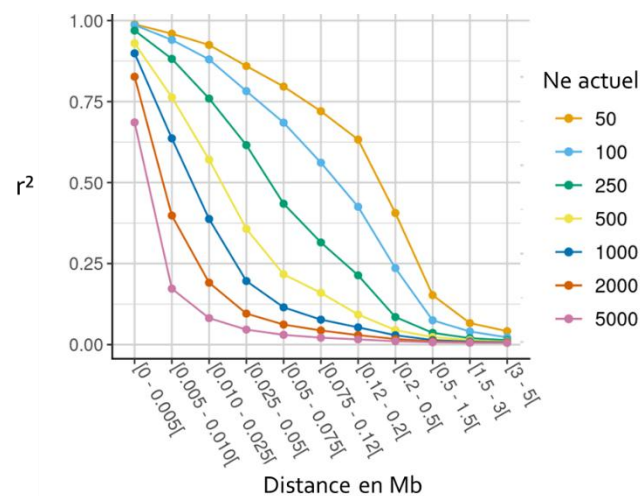
Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Une comparaison des deux outils a d'abord été réalisée par analyse bibliographique. Il apparaît qu'AlphaSimR, fondé sur des fonctions simples et spécialisées, offre une grande lisibilité du code, une bonne maîtrise du paramétrage et des performances élevées (Villiers et al., 2022), notamment pour la génération des populations fondatrices par coalescence. À l'inverse, MoBPS repose sur un nombre restreint de macro-fonctions fortement paramétrées, rendant le code plus complexe à appréhender.

Toutefois, il intègre une diversité d'outils internes plus large qu'AlphaSimR, au prix d'une prise en main et de performances parfois moins favorables (Villiers et al., 2022). La moindre diversité interne d'AlphaSimR est néanmoins compensée par sa forte interopérabilité avec d'autres logiciels.

Un schéma de sélection simplifié (une étape de sélection par génération, générations non chevauchantes) a ensuite été implémenté avec les deux outils afin d'évaluer expérimentalement leur facilité de prise en main. Cette comparaison a montré que : (1) les deux outils produisent des résultats similaires ; (2) la simulation des fondateurs est plus aboutie dans AlphaSimR ; (3) les macro-fonctions peuvent être plus délicates à paramétrer pour des utilisateurs peu expérimentés, augmentant potentiellement le risque d'erreur. Au regard de ces éléments, le schéma de sélection de la lignée de perdrix rouge a été implémenté avec AlphaSimR.

L'effet de deux paramètres du simulateur, l'effectif efficace actuel (N_e) et la dynamique démographique passée, a ensuite été étudié. L'analyse a mis en évidence un effet marqué de l'effectif efficace actuel sur la décroissance du déséquilibre de liaison, comme présenté dans la figure suivante. Ce résultat a permis d'ajuster le paramétrage des fondateurs du simulateur de la lignée.



Evolution de la décroissance du déséquilibre de liaison en fonction de l'effectif efficace actuel spécifié dans la fonction dédiée d'AlphaSimR

Enfin, l'estimation des paramètres génétiques par maximum de vraisemblance restreint (REML) à chaque génération a été comparée à leur calcul empirique basé sur les valeurs génétiques vraies issues de la simulation. Les trajectoires génétiques obtenues étant similaires entre les deux approches, la méthode empirique a été retenue, permettant une réduction significative du temps d'exécution du simulateur.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

L'étude a permis d'identifier un outil de simulation à la fois accessible, interopérable et performant, qui sera déployé pour modéliser les lignées de dix espèces avicoles. Ces simulateurs constitueront des outils d'aide à la décision pour les sélectionneurs, en permettant d'évaluer virtuellement différents scénarios de sélection avant leur mise en œuvre opérationnelle.

L'analyse fine du paramétrage et des méthodes internes aux simulateurs a renforcé la maîtrise des leviers influençant les dynamiques génétiques simulées. Cette expertise est indispensable pour garantir la fiabilité des prédictions et assurer la pertinence des recommandations stratégiques issues des simulations.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

L'outil sélectionné et les connaissances acquises sont d'ores et déjà utilisés pour développer les simulateurs de schémas de sélection des adhérents partenaires du projet BPI RESIGEN.

Références bibliographiques citées :

- Büttgen, L., Simianer, H., Pook, T., 2025. Analysis of different genotyping and selection strategies in laying hen breeding programs. *Genetics Selection Evolution* 57, 18. <https://doi.org/10.1186/s12711-025-00948-4>
- de Hollander, C.A., Chu, T.T., Marois, D., Felipe, V.B., Lopes, F.B., Calus, M.P.L., 2025. The Effect of Preselection on the Level of Bias and Accuracy in a Broiler Breeder Population, a Simulation Study. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 142, 392–407. <https://doi.org/10.1111/jbg.12908>
- Gaynor, R.C., Gorjanc, G., Hickey, J.M., 2021. AlphaSimR: an R package for breeding program simulations. *G3 Genes|Genomes|Genetics* 11, jkaa017. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkaa017>
- Hérault, F., Herry, F., Varenne, A., Burlot, T., Picard–Druet, D., Recoquillay, J., Macé, C., Fagnoul, F., Allais, S., Le Roy, P., 2018. A linkage disequilibrium study in layers and broiler commercial chicken populations, in: *Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Auckland, New Zealand, p. np.
- Pocrnic, I., Obšteter, J., Gaynor, R.C., Wolc, A., Gorjanc, G., 2023. Assessment of long-term trends in genetic mean and variance after the introduction of genomic selection in layers: a simulation study. *Front. Genet.* 14. <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1168212>
- Pook, T., Schlather, M., Simianer, H., 2020. MoBPS - Modular Breeding Program Simulator. *G3: Genes, Genomes, Genetics* 10, 1915–1918. <https://doi.org/10.1534/g3.120.401193>
- Ros-Freixedes, R., Pena, R.N., Richart, C., Nadal, J., 2023. Genomic diversity and signals of selection processes in wild and farm-reared red-legged partridges (*Alectoris rufa*). *Genomics* 115, 110591. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2023.110591>
- Villiers, K., Dinglasan, E., Hayes, B.J., Voss-Fels, K.P., 2022. genomicSimulation: fast R functions for stochastic simulation of breeding programs. *G3 Genes|Genomes|Genetics* 12, jkac216. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkac216>

3.1.3 Développement d'une méthode de calibration pour le paramétrage de simulateurs de schémas de sélection [RESIGEN – France2030]

La création d'un jumeau numérique d'un schéma de sélection d'une lignée avicole repose sur l'implémentation fidèle du programme de sélection (paramètres génétiques, organisation des cohortes, règles de sélection, gestion des accouplements...). Le respect rigoureux de ces étapes est déterminant afin d'obtenir un jumeau numérique capable de reproduire des dynamiques génétiques comparables à celles observées dans la population réelle (progrès génétique, évolution de la consanguinité et de la parenté...).

Cependant, certains paramètres d'entrée du simulateur (pondérations dans l'index de sélection, paramètres de choix des individus à mettre en reproduction) sont difficiles à déterminer à partir des données disponibles. Classiquement, ces paramètres sont déterminés en testant un nombre limité de combinaisons et en comparant qualitativement les trajectoires simulées aux données observées, menant à des solutions suboptimales.

L'objectif de cette étude est d'automatiser et d'optimiser ce processus de calibration en le formalisant comme un problème statistique d'optimisation, afin d'identifier les jeux de paramètres permettant de reproduire au mieux les évolutions génétiques observées dans la lignée réelle.

État de l'art :

Les outils de simulations de schémas de sélection tels que AlphaSimR (Gaynor et al., 2021) et MoBPS (Pook et al., 2020) sont largement utilisés pour évaluer des stratégies de sélection ou comparer des scénarios prospectifs. Dans la majorité des travaux publiés utilisant ces outils, les auteurs reproduisent fidèlement la structure du schéma réel et explorent un nombre limité de jeux de paramètres (héritabilités, corrélations, pondérations d'index), dans une logique comparative (e.g. Pocrnic et al.,

2023), sans ajuster un simulateur sur des évolutions génétiques observées. Or, une calibration fine est déterminante pour garantir la capacité prédictive d'un simulateur.

Plusieurs algorithmes d'optimisation peuvent être mobilisés tels que la recherche sur grille, le recuit simulé, l'optimisation bayésienne ou les algorithmes évolutionnaires. L'optimisation bayésienne, basée sur des processus gaussiens, est particulièrement adaptée aux fonctions « objectif » coûteuses et bruitées telles que les simulateurs de schéma de sélection. Cet algorithme a déjà été utilisé pour optimiser des stratégies de sélection en simulation (Jannink et al., 2025), mais jamais pour calibrer un simulateur afin de construire un jumeau numérique à partir de données réelles

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

L'utilisation d'algorithmes d'optimisation suppose une formulation rigoureuse du problème. Reproduire les évolutions génétiques observées nécessite (1) une implémentation fidèle de la structure du schéma de sélection et (2) un choix pertinent des paramètres d'entrée. L'optimisation ne pouvant agir que sur le second point, toute approximation dans l'implémentation du simulateur limite mécaniquement la qualité de la calibration.

La quantification de l'écart entre trajectoires simulées et réelles constitue un verrou méthodologique central. Le choix des indicateurs retenus et de la métrique utilisée (type de distance, normalisation, pondération) conditionnent fortement le résultat, notamment lorsque l'on souhaite ajuster uniquement les moyennes et non la variabilité inter-répétitions.

Enfin, les simulateurs étant des fonctions stochastiques, la fonction « objectif » est bruitée. L'optimisation doit alors intégrer cette variabilité (répétitions multiples par jeu de paramètres), sous peine de biaiser l'ajustement du processus gaussien sous-jacent à l'optimisation bayésienne.

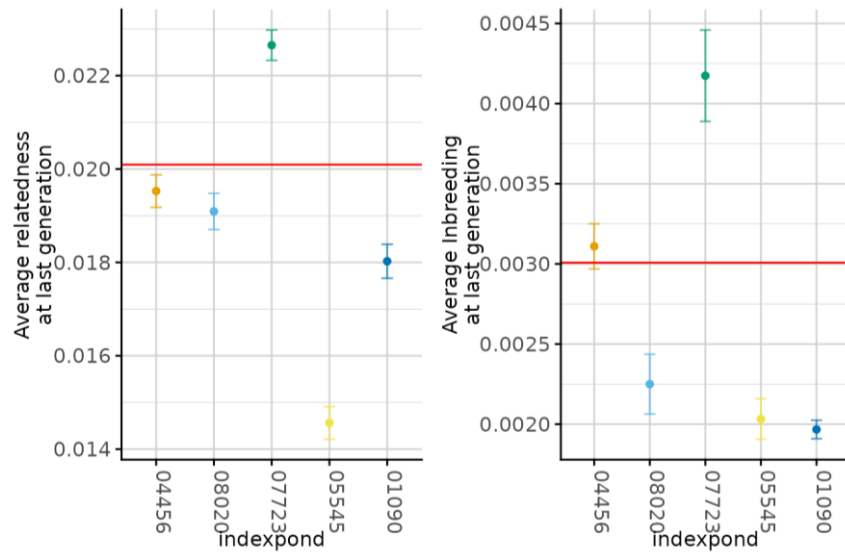
Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

La méthode de calibration par optimisation bayésienne a été développée à partir d'un simulateur reproduisant le schéma de sélection d'une lignée de perdrix (*Alectoris rufa*). L'écart entre les évolutions simulées et réelles a été évalué à partir de quatre statistiques résumées : le gain génétique par génération (exprimé en écart-type génétique) pour deux caractères d'intérêt, ainsi que la parenté moyenne et la consanguinité moyenne à la dernière génération. Ces indicateurs ont été calculés sur la lignée réelle et sur les lignées simulées, avec huit répétitions par jeu de paramètres.

Trois métriques ont été testées pour quantifier l'écart entre simulation et réalité : distance de Mahalanobis, distance euclidienne sur données normalisées et distance euclidienne pondérée. Cette distance était évaluée à chaque itération de l'optimisation bayésienne afin d'identifier le jeu de paramètres minimisant l'écart aux données observées.

Les comparaisons montrent que la distance euclidienne pondérée permet de minimiser efficacement l'écart entre moyennes simulées et valeurs réelles, sans être influencée par la variance inter-répétitions, contrairement à la distance de Mahalanobis ou à la distance euclidienne normalisée.

Au total, moins de 240 évaluations du simulateur ont permis d'identifier un jeu de paramètres reproduisant de manière satisfaisante les dynamiques de progrès génétique, de consanguinité et de parenté observées dans la lignée réelle. La figure suivante illustre le faible écart entre parenté et consanguinité simulées et observées pour le jeu de paramètres 04456, qui présente également la plus faible distance euclidienne pondérée.



Comparaison de la parenté moyenne et de la consanguinité moyenne à la dernière génération simulée sous cinq jeux de paramètres d'entrée du simulateur. La ligne horizontale rouge représente les valeurs observées dans la lignée réelle de perdrix rouge. Les barres d'erreur représentent la dispersion inter-répétitions.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

L'étude a permis d'identifier la distance euclidienne pondérée comme la plus adaptée pour calibrer un simulateur sur données réelles. L'optimisation bayésienne s'est révélée efficace, en permettant d'atteindre un paramétrage optimal avec un nombre limité d'évaluations.

Cette approche sera déployée sur d'autres simulateurs avicoles du SYSAAF afin d'automatiser la calibration et d'améliorer la précision des projections. À terme, ces jumeaux numériques constitueront des outils d'aide à la décision pour anticiper l'impact de modifications de schéma ou d'événements imprévus sur les lignées.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

La méthode développée est d'ores et déjà utilisée pour calibrer les simulateurs de schémas de sélection des adhérents partenaires du projet BPI RESIGEN.

Ces travaux récents seront présentés lors du prochain séminaire du réseau R2D2, prévu fin 2026.

Références bibliographiques citées :

- Gaynor, R.C., Gorjanc, G., Hickey, J.M., 2021. AlphaSimR: an R package for breeding program simulations. *G3 Genes|Genomes|Genetics* 11, jkaa017. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkaa017>
- Jannink, J.-L., Astudillo, R., Frazier, P., 2025. Insight into a two-part plant breeding scheme through Bayesian optimization of budget allocations. *Crop Science* 65, e21124. <https://doi.org/10.1002/csc2.21124>
- Pocrnic, I., Obšteter, J., Gaynor, R.C., Wolc, A., Gorjanc, G., 2023. Assessment of long-term trends in genetic mean and variance after the introduction of genomic selection in layers: a simulation study. *Front. Genet.* 14. <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1168212>
- Pook, T., Schlather, M., Simianer, H., 2020. MoBPS - Modular Breeding Program Simulator. *G3: Genes, Genomes, Genetics* 10, 1915–1918. <https://doi.org/10.1534/g3.120.401193>

3.1.4 Optimisation du ratio « nombre d'individus candidats/nombre d'individus phénotypés » à coût de génotypage constant [SEPIAA France2030]

Dans un contexte d'indexation des candidats après estimation de leur valeur génétique par évaluation pedigree (BLUP) ou génomique (GBLUP) sur un caractère mesuré sur collatéraux, l'objectif est de déterminer une balance optimale à nombre de génotype égal du nombre d'individus candidats et du nombre d'individus collatéraux phénotypés pour le caractère d'intérêt.

État de l'art :

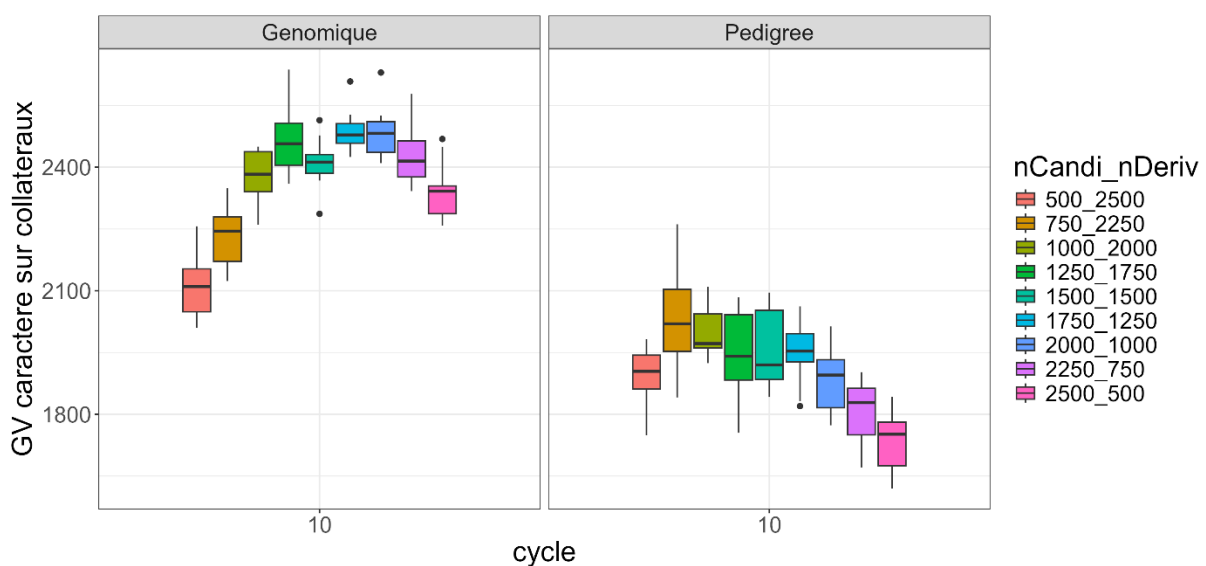
La sélection génomique en aquaculture repose sur un compromis entre la taille de la population de référence phénotypée et le nombre de candidats génotypés, conditionnant directement la précision des valeurs génétiques estimées. Plusieurs travaux ont montré que la précision des GEBV dépend fortement de la taille et de la représentativité de cette population de référence, avec des gains décroissants au-delà d'un certain effectif. Ainsi, des travaux sur la truite arc-en-ciel ont démontré la faisabilité et l'intérêt de la sélection génomique pour des caractères complexes, tout en soulignant l'importance de la structuration des populations d'apprentissage (D'Ambrosio et al., 2020). Toutefois, l'optimisation conjointe du ratio candidats/collatéraux phénotypés à budget de génotypage constant reste encore peu documentée, en particulier dans des schémas spécifiques aux espèces aquacoles.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

L'un des principaux verrous réside dans la dépendance de l'optimum à des paramètres génétiques (héritabilité, corrélations génétiques, structure de parenté) qui peuvent varier selon les populations et les caractères étudiés. De plus, la robustesse des prédictions génomiques peut être affectée par la taille et la représentativité de la population de référence.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Le schéma simulé est un schéma type truite avec un plan de croisement factoriel 10x10x10 et une phase de sélection massale sur un 1^{er} caractère, dont la corrélation génétique avec le second caractère d'intérêt mesuré sur collatéraux est de 0,5 (héritabilité de 0,3 pour le caractère en sélection massale, et de 0,4 pour le caractère d'intérêt). Le nombre total d'individus génotypables est fixé à 3000, à répartir entre le nombre de candidats et le nombre d'individus phénotypés (collatéraux). Le nombre de candidats varie entre 500 à 2500 par palier de 250, et le nombre de collatéraux phénotypés complète ce nombre pour arriver à 3000. Les évaluations génétiques des candidats se font soit en BLUP soit en GBLUP.



Niveau génétique du caractère d'intérêt phénotypé sur collatéraux à la génération 10 en fonction de la méthode de calcul des valeurs génétiques et du scénario (nombre d'individus candidats _ nombre de collatéraux phénotypés)

Sur la figure, on observe en sélection génomique et en sélection pedigree qu'il semble y avoir un optimum du niveau génétique atteint à nombre de génotypes égal du nombre de candidats par rapport au nombre d'individus phénotypés.

En sélection génomique, le maximum de niveau génétique atteignable semble se situer autour de 1500, 1750 ou 2000 candidats pour un nombre d'individus dans le lot dérivé (individus phénotypés) respectif de 1500, 1250 ou 1000. Avec seulement 1000 individus phénotypés, le niveau génétique semblent stabilisé au maximum, mais en deçà de 1000 individus phénotypés le niveau génétique atteint est plus faible, potentiellement en raison d'évaluations génomiques moins précises.

En évaluation classique basée sur le pedigree, le niveau génétique atteint est inférieur au niveau obtenu en évaluation génomique, ce qui est conforme aux attendus. Dans ce cas de figure, l'impact des différents scénarios semble moins important : il y a peu de différence de niveau génétique pour les scénarios avec 750 à 1750 candidats. Ce résultat souligne une limite de la sélection sur pedigree où tous les pleins-frères et pleines-sœurs ont exactement les mêmes valeurs génétiques estimées (EBV) lorsque celles-ci sont calculées via des collatéraux phénotypés. Puis avec une trop forte augmentation du nombre de candidats, il n'y a plus assez de phénotypes pour avoir une estimation suffisamment précise des EBV, ce qui explique la diminution des valeurs génétiques similaires à ce qui a été observé en sélection génomique.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces simulations ont permis de mettre en lumière l'importance de la définition du ratio candidats génotypés/collatéraux phénotypés dans un contexte de contrainte sur le nombre total d'animaux génotypables. Ces simulations peuvent être utilisés comme outil d'aide à la décision.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces résultats seront présentés aux sélectionneurs adhérents du SYSAAF et utilisés pour améliorer les pratiques dans la conception de leurs schémas de sélection.

Références bibliographiques citées :

D'Ambrosio, J., Morvezen, R., Brard-Fudulea, S., Bestin, A., Acin Perez, A., Guéméné, D., Poncet, C., Haffray, P., Dupont-Nivet, M., Phocas, F., 2020. Genetic architecture and genomic selection of female reproduction traits in rainbow trout. BMC Genomics 21, 558. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-06955-7>

3.1.5 Effet de la réduction du nombre de challenge en condition contrôlé sur le gain génétique [SEPIAA France2030]

Les challenges en condition contrôlées pour l'amélioration génétique sur un caractère de résistance à un pathogène sont coûteux. L'objectif est de tester par simulation l'effet sur le gain génétique d'une réduction en fréquence des challenges et/ou du nombre d'individus phénotypés et génotypés dans le cadre de ces challenges.

État de l'art :

La sélection génomique permet d'estimer les valeurs génétiques à partir d'une population de référence génotypée et phénotypée (Meuwissen et al., 2001), avec une précision dépendant de sa taille et de sa proximité génétique avec les candidats (Daetwyler et al., 2010). Toutefois, la réduction du nombre d'individus phénotypés ou de la fréquence de mise à jour de la population de référence avec de

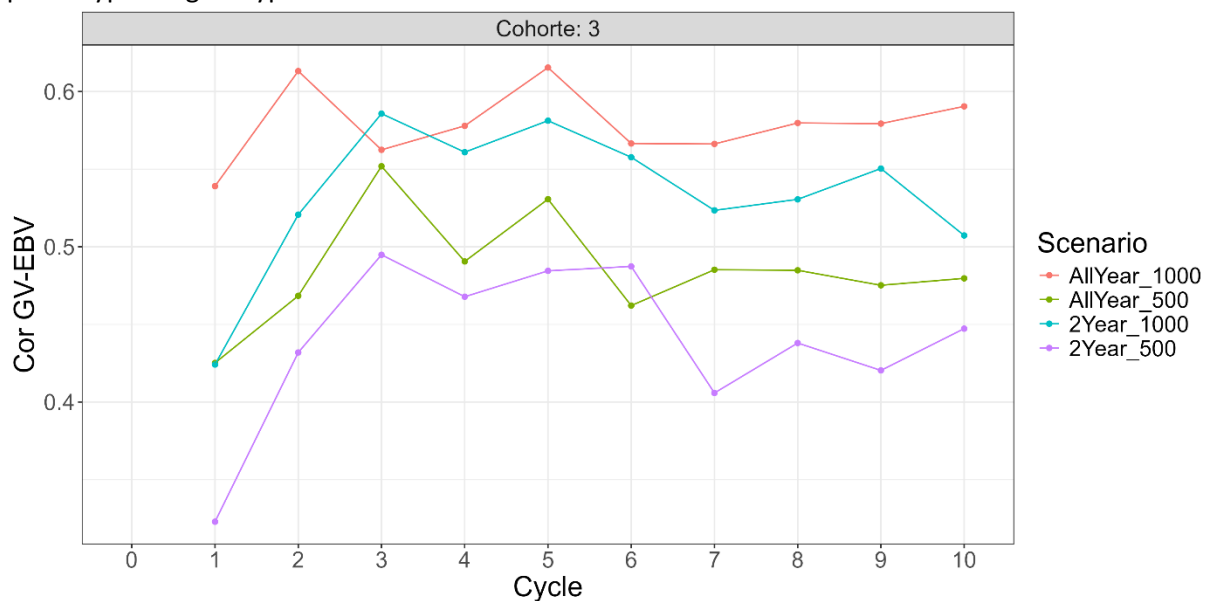
nouvelles données entraîne une perte de précision de la sélection génomique (Goddard et al., 2011). En aquaculture, la sélection pour des caractères de résistance repose largement sur des phénotypes obtenus via des challenges sanitaires, souvent mesurés sur collatéraux, ce qui en limite le déploiement du fait de leur coût. À ce jour, il n'existe pas de cadre opérationnel permettant de quantifier et d'optimiser le compromis entre fréquence de phénotypage par challenge et taille des cohortes sous contrainte de coût, notamment en aquaculture : ce verrou méthodologique justifie le recours à la simulation.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Le principal verrou scientifique réside dans la quantification de la perte de précision liée à la réduction conjointe du nombre et de la fréquence des phénotypages, en interaction avec les paramètres génétiques et la structure de population. S'y ajoutent des aléas techniques et économiques : coût et faisabilité des challenges sanitaires, qualité des données phénotypiques, et évolution des coûts de génotypage. Ces multiples facteurs nécessitent une approche exploratoire par simulation.

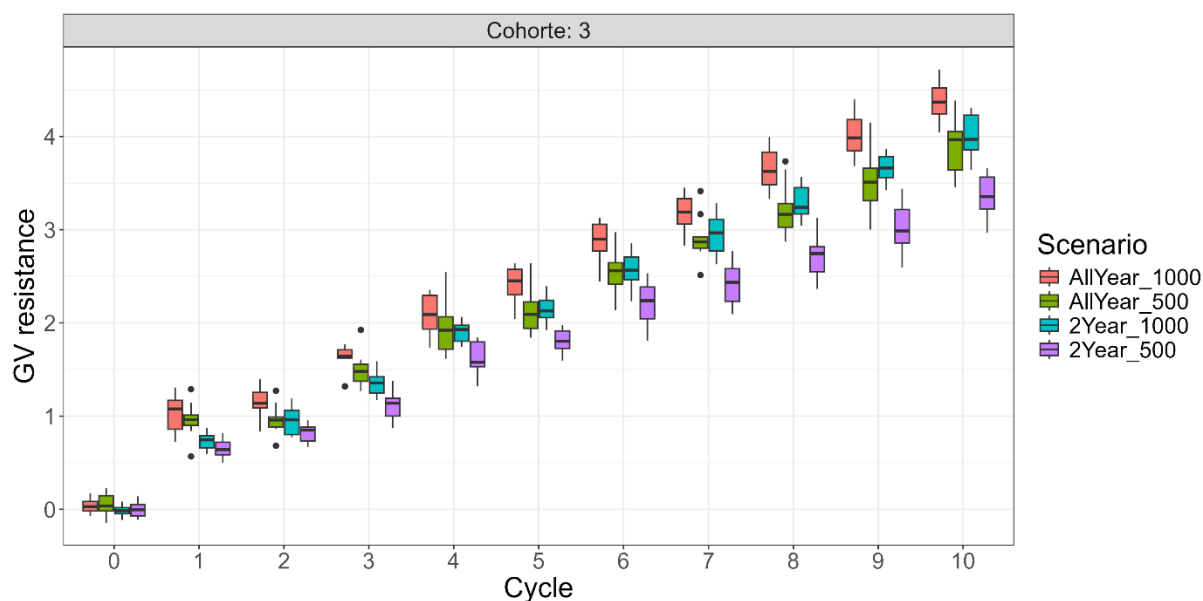
Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Pour un schéma de sélection type daurade (3 cohortes chevauchantes), une population a été simulée avec pour objectif de sélection un caractère de résistance sélectionné à partir de collatéraux (10 répétitions). Les candidats sont donc indexés pour leur valeur génétique estimée sur ce caractère. Un challenge en condition contrôlé est effectué tous les ans ou tous les 2 ans et le nombre d'individus phénotypés et génotypés est fixé à 500 ou 1000.



Corrélation entre la valeur génétique réelle (GV) et la valeur génétique estimée (EBV) par GBLUP des candidats pour les différents scénarios

Comme attendu dans les résultats présentés dans la figure ci-dessus, la fréquence et le nombre d'individus impactent fortement la précision du GBLUP. Pour la situation la moins coûteuse (challenge tous les deux ans avec 500 individus), la corrélation entre valeur génétique vraie et estimée est de 0,45 tandis que pour un challenge annuel avec 1000 individus la corrélation est de 0,60.



Evolution génétique du caractère de résistance au cours du temps pour les différents scénarios

En conséquence de cette baisse de précision, le gain génétique est limité surtout pour la situation avec un challenge tous les deux ans de 500 individus, comme on peut l'observer sur la figure ci-dessus. Il y a une légère différence entre faire un challenge tous les ans avec 500 individus et le faire tous les deux ans avec 1000 individus : il semblerait qu'il vaille mieux privilégier le nombre d'individus à la fréquence, ce qui est cohérent avec les résultats présentés dans la figure précédente (meilleure corrélation des valeurs génétiques vraies et estimées avec 1000 individus plutôt que 500). La précision des valeurs génétiques obtenues à partir des données antérieures reste suffisamment élevée pour que le gain génétique soit supérieur avec un challenge tous les 2 ans sur 1000 individus plutôt qu'un challenge annuel sur 500 individus.

Acquisition de connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Pour les entreprises ne pouvant pas se permettre de faire des challenges tous les ans, il pourrait au vu de ces résultats leur être conseillé de faire un challenge tous les deux ans pour garder un gain génétique correct, et de les orienter vers une baisse en fréquence des challenges mais pas du nombre d'individus challengés.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les résultats ont été présentés au sélectionneur à l'origine de cette interrogation, et seront diffusés plus largement à l'ensemble des adhérents.

Références bibliographiques citées :

Meuwissen, T.H.E., Hayes, B.J., Goddard, M.E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157: 1819–1829.

Daetwyler, H.D., Pong-Wong, R., Villanueva, B., Woolliams, J.A. (2010). The impact of genetic architecture on genome-wide evaluation methods. *Genetics*, 185: 1021–1031.

Goddard, M.E., Hayes, B.J., Meuwissen, T.H.E. (2011). Using the genomic relationship matrix to predict the accuracy of genomic selection. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 128: 409–421.

Compétitivité via la réduction des coûts de génotypage et l'amélioration des outils

Dans les programmes de sélection, le pedigree est historiquement utilisé pour calculer le niveau d'apparentement entre individus afin d'estimer des valeurs génétiques des candidats à la sélection.

Depuis quelques années, l'accès aux techniques de génotypage haut-débit s'est démocratisé et a permis à des entreprises de sélection avicoles et aquacoles de passer à la sélection génomique, qui permet une estimation plus fine de la ressemblance entre individus grâce à des marqueurs de l'ADN. Le recours aux puces de génotypage SNP moyenne densité génère cependant un surcoût. Des travaux de R&D sont donc en cours pour tenter de réduire les coûts induits par l'utilisation de la génomique tout en préservant l'augmentation du progrès génétique. Ainsi, une technologie de génotypage par séquençage AgriSeq a été déployée en espèces aquacoles, afin de proposer des outils de faible densité à des tarifs inférieurs à ceux des puces de génotypage. En 2025, un panel 1K commun à 3 populations d'huitres creuses a été développé (action 3.1.6), et des panels préexistants ont été mis à jour pour la truite afin de pallier à une perte en informativité d'une partie des marqueurs (action 3.1.7). Au cours de ces dernières années, il s'est avéré lors de la mise en œuvre de cette méthode de génotypage que les taux de données manquantes (par SNP et par individus) pouvaient être plus élevés qu'avec les puces de génotypage. Des investigations ont donc été réalisées par simulation pour quantifier l'effet sur les schémas des pertes en précision causées par ces résultats de génotypage de moindre qualité (action 3.1.8). Enfin, les développements d'outils de génotypage optimisés chez l'huitre ont jusqu'à présent été contraints par l'informativité très limitée de la seule puce commerciale moyenne densité disponible, des travaux de recherche sont donc en cours pour produire une puce haute-densité de qualité (action 3.1.9), qui pourra servir de base pour les développements futurs.

3.1.6 Développement d'un panel 1K chez l'Huitre creuse pour l'AgriSeq pour un fonctionnement sur trois populations différentes [GoodVibe]

L'objectif du projet est d'évaluer l'utilisation d'un panel SNPs 1K (1000 marqueurs) pour l'intégrer dans un schéma de sélection chez l'huitre creuse. Par rapport au précédent panel 1K AgriSeq développé par le SYSAAF, ce panel doit pouvoir être utilisé par trois entreprises de sélection ayant chacune des populations différentes.

État de l'art :

L'utilisation d'un panel basse densité avec de l'imputation peut permettre de réduire les coûts de génotypage. Chez l'huitre creuse, des études ont montré de premières précisions d'imputation assez décevantes (Kriaridou et al., 2023). Ce résultat peut être expliqué par une qualité de puce 57K non optimale, et par un déséquilibre de liaison entre les SNPs faible, limitant l'efficacité de l'imputation. En parallèle, Jourdan et al. (2023) ont montré que 1 000 SNPs pourraient être suffisants pour obtenir des valeurs génétiques de précision comparable à celles obtenues avec la puce 57K.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Des conceptions de panels 1K ont déjà été effectuées dans de précédents projets sur d'autres espèces. L'incertitude principale repose sur la création d'un panel fonctionnel et informatif pour trois populations distinctes, malgré la petite taille de l'outil. Il existe un risque pour que les marqueurs utiles pour une population ne le soient pas nécessairement pour les deux autres populations. La méthode de choix des marqueurs a donc dû être modifiée par rapport aux précédents travaux de R&D sur ce sujet. Dans ce projet, les informations génomiques et les phénotypes déjà disponibles seront suffisants pour comparer et évaluer *in-silico* les panels 1K proposés avec différentes méthodologies de sélection des marqueurs.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Quinze panels de 1 000 SNPs ont été générés avec différentes méthodes de choix des marqueurs.

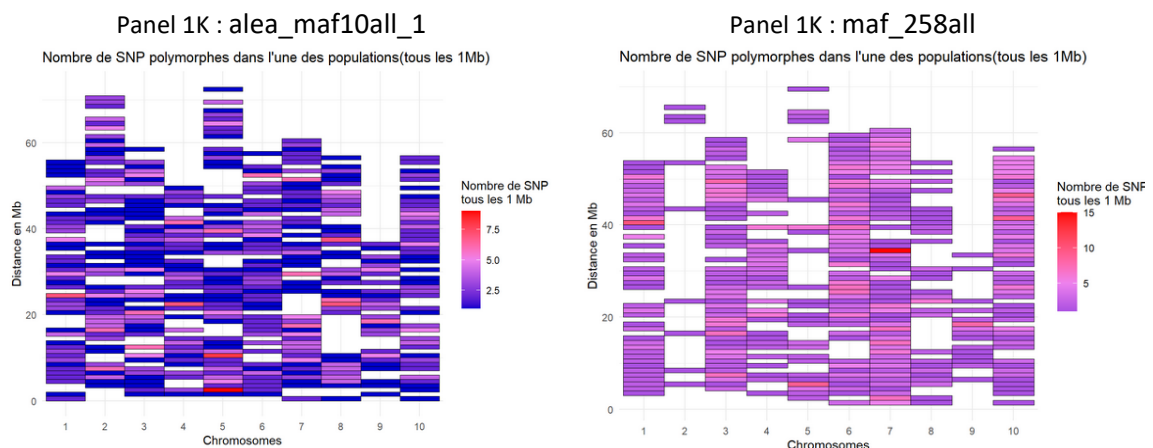
- 2 panels ont été créés en prenant les marqueurs aléatoirement avec une contrainte sur la MAF (fréquence de l'allèle minoritaire) de 0,05 dans l'une des populations ([alea_maf05_1](#), [alea_maf05_2](#))

- 4 panels ont été créés en prenant les marqueurs aléatoirement avec une contrainte sur la MAF dans chacune des 3 populations : 2 panels avec $MAF > 0,05$ et 2 panels avec $MAF > 0,10$ (*alea_maf05all_1*, *alea_maf05all_2*, *alea_maf10all_1*, *alea_maf10all_2*)
- 1 panel avec le choix des marqueurs sur la meilleure MAF (moyenne sur les 3 populations) pour chaque zone du génome (*complet_trou_maf*)
- 1 panel avec le choix des marqueurs aléatoirement ($MAF > 0,05$) pour chaque zone du génome (*complet_trou_alea*)
- 1 panel avec une $MAF > 0,258$ dans les 3 populations. (*maf_258all*)

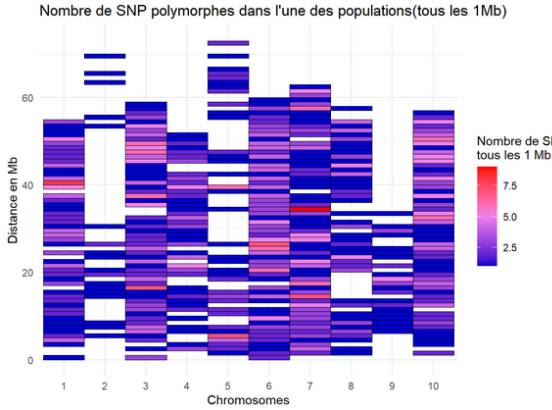
Les 6 panels suivants ont été construits avec une base commune de 679 SNP ayant une $MAF > 0,30$ dans l'ensemble des populations, complétée ensuite par des choix de marqueurs suivant différentes stratégies :

- 2 panels avec l'ajout de 107 SNPs avec une $MAF > 0,40$ pour chacune des populations (*puce_maf30all_maf40unique_1*, *puce_maf30all_maf40unique_2*)
- 1 panel avec l'ajout de 107 SNPs avec une $MAF > 0,38$ dans 2 populations à chaque fois (combinaison pop 1-2, 2-3, 1-3) (*puce_maf30all_maf38duo_1*)
- 1 panel avec 107 SNPs avec une $MAF > 0,40$ dans chaque population et dans des zones du génome non couvertes par les 679 SNPs communs (*puce_maf30all_complet_trou_unique*)
- 1 panel avec 107 SNPs avec une $MAF > 0,25$ dans 2 populations à chaque fois (combinaison pop 1-2, 1-3, 2-3) et des SNPs dans des zones du génome non couvertes par les 679 SNPs communs (*puce_maf30all_complet_trou_duo*)
- 1 panel avec l'ajout des SNPs dans les zones du génome non couvertes par les 679 SNPs communs de base et avec la meilleure MAF dans l'ensemble des populations (*puce_maf30all_complet_trou_all*)

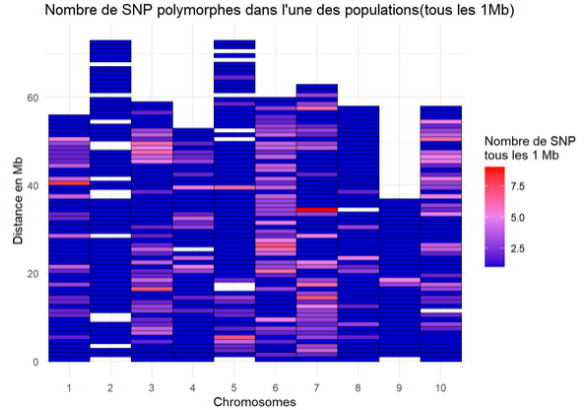
Les panels avec une contrainte sur la MAF et sans ajout de SNP pour compléter la couverture du génome ont une distribution des SNP le long du génome beaucoup plus hétérogène que les panels prenant en compte cette contrainte. Les graphiques ci-dessous montrent la densité des SNPs pour quatre panels le long des chromosomes (1 bande verticale = 1 chromosome) tous les 1mb (1 rectangle coloré = 1mb).



Panel 1K : puce_maf30all_maf40unique_1



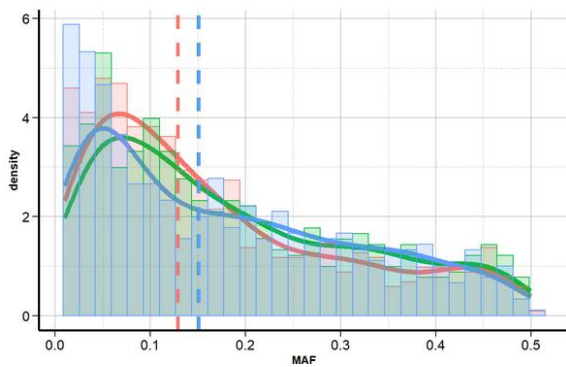
Panel 1K : puce_maf30all_complet_trou_all



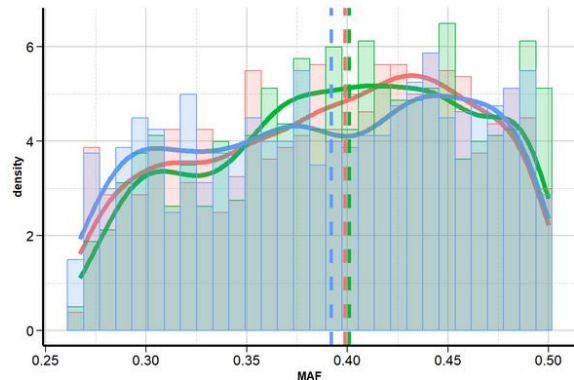
Couverture des chromosomes par les marqueurs SNP et densité de ces marqueurs dans quatre panels 1K SNP générés in-silico

En revanche, les panels avec une contrainte sur la MAF (quel que soit le seuil appliqué) permettent d'avoir des marqueurs avec un polymorphisme plus élevé, et donc potentiellement plus informatifs pour un objectif de sélection génomique. Les graphiques suivants montrent la distribution de la MAF des marqueurs pour les 3 populations (une couleur par population).

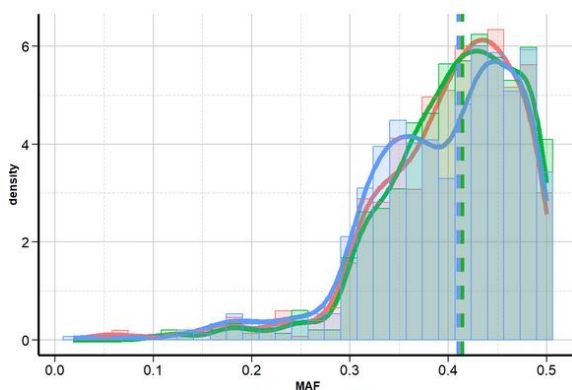
Panel 1K : alea_maf10all_1



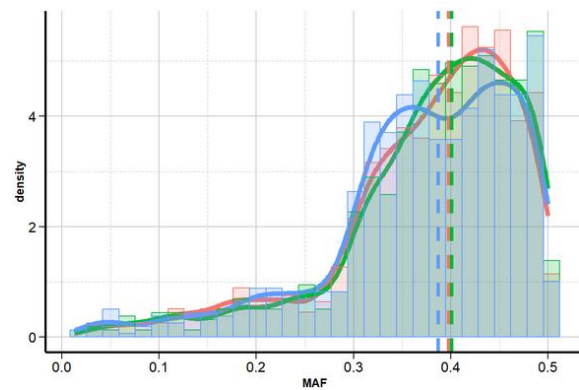
Panel 1K : maf_258all



Panel 1K : puce_maf30all_maf40unique_1



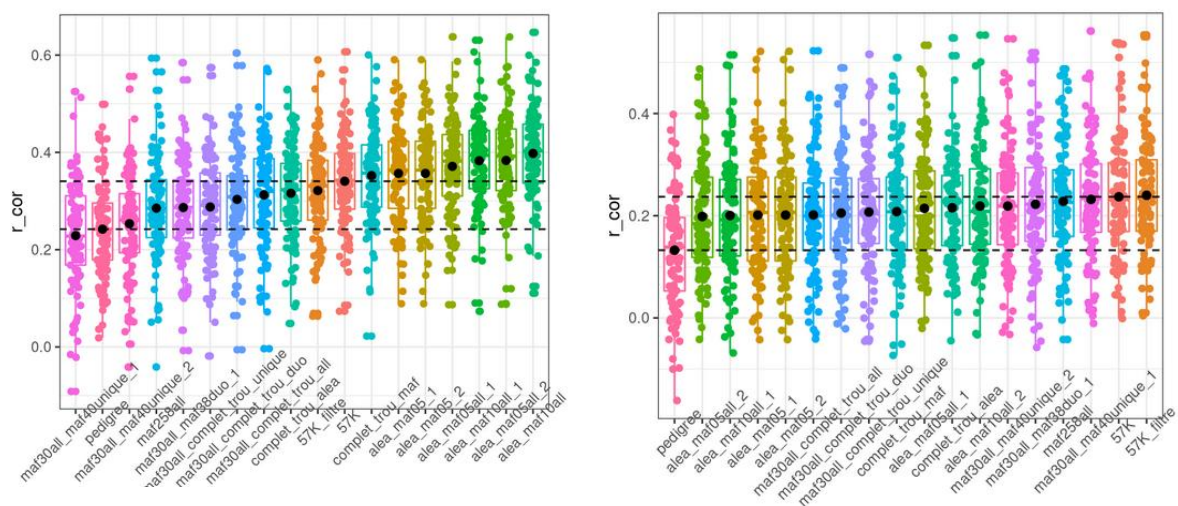
Panel 1K : puce_maf30all_complet_trou_all



Distribution des MAF des SNP retenus avec quatre stratégies de construction d'un panel 1K pour trois populations d'huitres creuses

Il apparait sur ces figures que les différentes stratégies de conception des panels produisent des listes de SNP avec des profils de MAFs plus ou moins élevées, les panels avec les MAF les plus élevées étant souvent ceux présentant des répartitions peu homogènes des SNP le long du génome.

Afin de valider le choix d'un panel optimal, des validations croisées ont été réalisées pour estimer la précision d'évaluations génomiques basées sur ces panels. Ces évaluations ont porté sur les caractères disponibles pour chacune des populations, et leur précision a été également comparée avec la précision d'une évaluation pedigree, et avec la précision d'une évaluation génomique basée sur la puce 57K. Les validations croisées ont été réalisées avec 100 répétitions. La figure ci-dessous permet d'observer le classement des panels générés avec les différentes stratégies, du moins précis au plus précis. Ces résultats confirment qu'il est possible avec 1K SNP d'obtenir des valeurs génétiques de précision similaire à celles calculées via la puce moyenne densité 57K.



Précision (corrélation des valeurs génétiques estimées et des phénotypes corrigés) pour deux caractères dans deux populations différentes pour des évaluations pedigree, génomiques basées sur la puce 57K, et génomiques basées sur les panels 1K générés in-silico

Acquisition de connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces travaux démontrent la possibilité de concevoir un panel 1K fonctionnel chez l'huître creuse et commun aux populations des trois entreprises, produisant des valeurs génétiques dont la précision est proche de celle obtenue avec la puce 57K. Dans un contexte commercial où les commandes d'outils de génotypage nécessitent un volume minimum, la faisabilité du recours à un même outil de génotypage dans trois populations différentes est un atout pour atteindre les volumes requis.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les résultats de ces travaux ont fait l'objet d'une première présentation en Comité de Pilotage du projet GoodVibe.

Références bibliographiques citées :

Jourdan, A., Morvezen, R., Enez, F., Haffray, P., Lange, A., Vétois, E., ... & Boudry, P. (2023). Potential of genomic selection for growth, meat content and colour traits in mixed-family breeding designs for the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Aquaculture*, 576, 739878.

Kriaridou, C., Tsairidou, S., Fraslin, C., Gorjanc, G., Looseley, M. E., Johnston, I. A., ... & Robledo, D. (2023). Evaluation of low-density SNP panels and imputation for cost-effective genomic selection in four aquaculture species. *Frontiers in genetics*, 14, 1194266.

3.1.7 Mise à jour des panels 1K chez la truite arc-en-ciel [HyperSelect FEAMPA]

Des panels de 1K SNPs (1000 marqueurs) spécifiques à chaque entreprise de sélection de truite arc-en-ciel ont été créés depuis 2019 pour le génotypage de leurs individus de sélection, dans le but de

reconstruire les matrices génomiques de panels de référence (≈ 57000 marqueurs). L'objectif de ce travail était de mettre à jour ces panels spécifiques à chaque entreprise en remplaçant les marqueurs qui n'étaient plus fonctionnels ou devenus non-informatifs.

État de l'art :

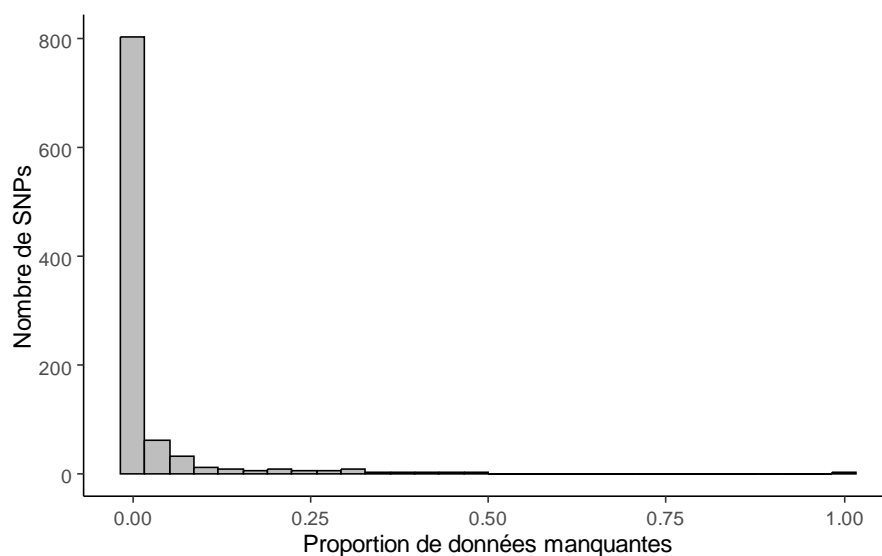
L'introduction de la sélection génomique a permis d'augmenter la précision des valeurs génétiques des candidats à la sélection, et ainsi l'efficacité des programmes de sélection (Allal and Nguyen, 2022). Afin d'optimiser les coûts des programmes de sélection, des méthodes d'imputation ont été développées, permettant ainsi de génotyper les individus sur un nombre réduit de marqueurs puis de reconstituer leur génotype à une densité plus importante. Des travaux se sont aussi penchés sur le nombre minimum de marqueurs nécessaires pour une bonne qualité d'imputation, concluant à la nécessité d'utiliser un panel d'au moins 800 marqueurs pour la truite arc-en-ciel (Fraslin et al., 2023).

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

La variabilité d'un marqueur dans la population doit être suffisante pour être utile dans un objectif d'imputation. Or cette variabilité peut diminuer au fur et à mesure des générations sous l'action de la sélection, d'où le potentiel besoin de mise à jour des panels. Dans un objectif d'imputation d'un ensemble de marqueurs vers une densité de marqueurs plus importante, les marqueurs du panel basse densité doivent être inclus dans le panel de référence, ce qui contraint de fait le choix des marqueurs à ceux présents sur l'outil moyenne densité. Enfin, les technologies disponibles pour le génotypage ne sont pas toutes identiques, les unes pouvant être économiquement plus avantageuses que les autres selon le nombre de marqueurs souhaités. La faisabilité et la qualité du génotypage d'un marqueur peut varier suivant la technologie utilisée, le succès du génotypage d'un marqueur n'est donc pas garanti avant d'être testée.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les 7429 génotypes et 9245 génotypes acquis sur les panels 1K respectifs de chaque entreprise souhaitant faire une mise à jour ont été contrôlés afin d'éliminer les marqueurs qui ne fonctionnaient pas et les marqueurs de variabilité et qualité insuffisantes (taux de données manquantes, proportion de l'allèle mineur, taux d'erreurs mendéliennes). Ainsi 131 et 216 SNPs ont été écartés et remplacés, les autres ont été conservés sur la nouvelle version du panel.



Distribution de la proportion de données manquantes par SNP

Les marqueurs de remplacement ont été choisis parmi ceux présents sur le panel 57K. Les génotypes 57K acquis sur les dernières générations de sélection de truite arc-en-ciel des deux entreprises ont été

utilisés pour filtrer les marqueurs candidats. Des filtres restrictifs ont été appliqués pour ne conserver que les marqueurs de très bonne qualité (taux de données manquantes, proportion de l'allèle mineur, taux d'erreurs mendéliennes), aboutissant à 1507 et 1501 marqueurs candidats finalement retenus. La dernière étape pour le choix final a consisté à identifier des marqueurs de remplacement dans des zones du génome proches de celles des marqueurs éliminés, de façon à garantir le maintien d'une bonne couverture du génome.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ce travail de mise à jour des panels 1K était indispensable pour garantir aux entreprises l'efficacité de leurs outils de génotypage et de leurs programmes de sélection. Les nouveaux panels ont été transférés au laboratoire de génotypage partenaire pour être utilisés dans le cadre de projets de R&D et de sélection génétique. Ces travaux contribuent à assurer le maintien de la compétitivité des entreprises françaises de sélection de truite arc-en-ciel.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces travaux ont été présentés au sein de chaque entreprise concernée par la mise à jour de leur panel 1000 marqueurs. Les nouveaux panels ont été utilisés pour les analyses génétiques dans le projet HyperSelect, et les travaux issus de ces données de génotypage feront l'objet de présentations lors de journées techniques destinées aux acteurs de la filière et de congrès internationaux.

Références bibliographiques citées :

Allal, F., Nguyen, N.H., 2022. Genomic Selection in Aquaculture Species, in: Ahmadi, N., Bartholomé, J. (Eds.), *Complex Trait Prediction, Methods in Molecular Biology*. Springer US, New York, NY, pp. 469–491. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2205-6_17

Fraslin, C., Robledo, D., Kause, A., Houston, R.D., 2023. Potential of low-density genotype imputation for cost-efficient genomic selection for resistance to *Flavobacterium columnare* in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Genet Sel Evol* 55, 59. <https://doi.org/10.1186/s12711-023-00832-z>

3.1.8 Evaluation de l'impact des erreurs de génotypage, des pertes de génotype et de l'utilisation de remplaçant sur le gain génétique d'un caractère mesuré sur lot dérivé [SEPIAA France2030]

A différentes étapes d'un schéma de sélection, des pertes de données ou des erreurs sont possibles, en particulier à l'étape de génotypage. L'objectif est d'estimer la conséquence de trois sources d'erreur : l'erreur de génotypage (perte de précision), la perte de génotype (choix des reproducteurs parmi un nombre réduit de candidats) et l'utilisation de remplaçants plutôt que des reproducteurs titulaires.

État de l'art :

La sélection génomique repose sur l'utilisation de données de génotypage pour estimer les valeurs génétiques des candidats, avec une précision dépendant directement de la qualité des données utilisées. Les erreurs de génotypage (erreurs d'appel d'allèles, données manquantes) sont connues pour dégrader la matrice de relations génomiques et donc la précision des évaluations GBLUP, entraînant une diminution du gain génétique attendu (Cesarani et al., 2026). Plus généralement, toute perte de génotype ou réduction du nombre de candidats exploitables peut limiter le différentiel de sélection obtenu par rapport à l'attendu. L'effet combiné de ces différentes sources de dégradation des données et des choix (qualité des génotypes, pertes de données, substitutions de reproducteurs) reste peu documenté, en particulier dans des schémas appliqués aux espèces aquacoles, ce qui constitue un manque méthodologique pour l'optimisation des programmes de sélection.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

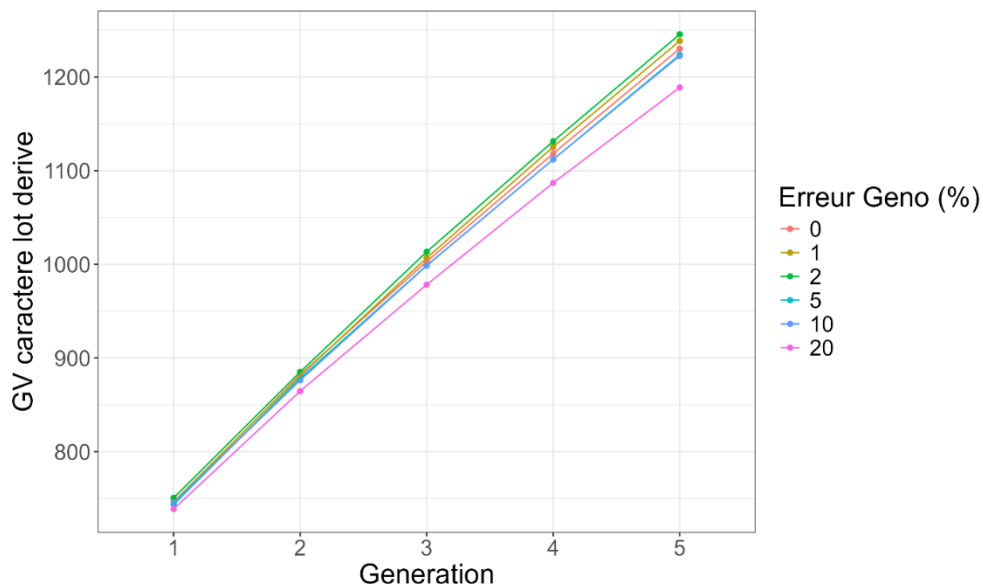
Le principal verrou scientifique réside dans la quantification conjointe de l'impact de plusieurs sources d'erreur intervenant à différentes étapes du schéma de sélection, avec des effets potentiellement non additifs et dépendants du contexte (héritabilité, structure familiale, intensité de sélection). Les erreurs de génotypage et les données manquantes sont en partie aléatoires mais peuvent également présenter des biais systématiques selon les technologies utilisées, rendant leur modélisation complexe. De même, les pertes de génotypes réduisent la base de sélection de manière difficilement anticipable, tandis que le recours à des reproducteurs de remplacement dépend de contraintes opérationnelles (mortalité, échec de reproduction) difficilement contrôlables. Enfin, ces aléas sont fortement dépendants des conditions réelles de production (qualité des prélèvements, fiabilité des laboratoires, organisation des lots), ce qui limite la transposition directe des hypothèses théoriques et justifie une approche par simulation pour explorer ces verrous.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Un schéma type truite a été simulé avec un plan de croisement factoriel 10x10x10, et une première phase de sélection massale sur un 1^{er} caractère dont la corrélation génétique avec le 2nd caractère d'intérêt (phénotypé sur collatéraux) est de 0,5. L'héritabilité est fixée à 0,3 pour le 1^{er} caractère en sélection massale et à 0,4 pour le 2nd caractère d'intérêt phénotypé sur collatéraux. Ce 2nd caractère d'intérêt étant mesuré sur des collatéraux des candidats, les candidats n'ont donc pas de performance propre sur ce caractère. Les valeurs génétiques des candidats génotypés sont estimées par GBLUP grâce aux phénotypes et aux génotypes des collatéraux.

Trois sources d'incertitude sont ajoutées :

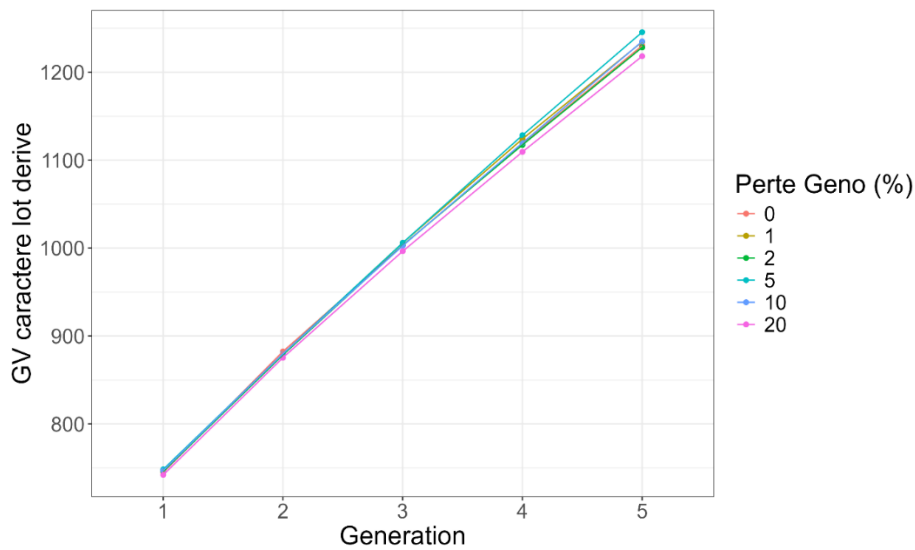
- Erreur de génotypage (mauvaise lecture d'une proportion des marqueurs) des candidats et des collatéraux : 0% ,1%, 2%, 5%, 10% ou 20%.
- Perte de génotypes des candidats uniquement (1500 candidats initialement) : 0% ,1%, 2%, 5%, 10% ou 20%.
- Utilisation de reproducteurs remplaçants à la place des titulaires : 0% ,1%, 2%, 5%, 10% ou 20%



Effet des erreurs de génotypage sur le progrès génétique d'un caractère mesuré sur collatéraux

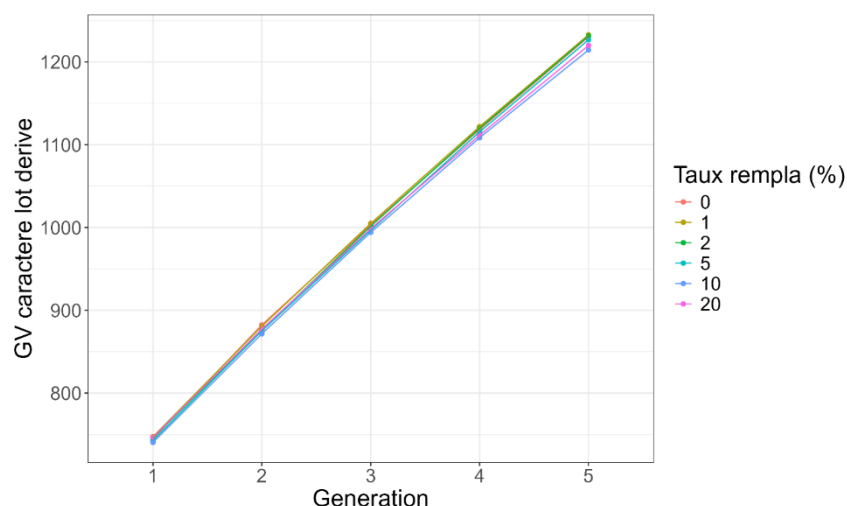
Erreur de génotypage : l'impact sur l'évolution du niveau génétique moyen de la population est relativement limité, sauf dans le cas de 20% d'erreur, qui occasionne une baisse notable de la précision des valeurs génétiques, et donc du gain génétique qui en découle. Cet impact limité des erreurs de

génotypage pourrait être dû au fait que les modèles d'évaluation génomique utilisés ici attribuent à chaque SNP un effet très faible, ce qui minimiserait les conséquences d'erreurs de génotypage.



Effet de la perte de génotypes sur le progrès génétique d'un caractère mesuré sur collatéraux

Perte de génotypes : la perte de génotypes a aussi un impact limité sur l'évolution génétique de la lignée. Une baisse du niveau génétique est tout de même à noter avec une forte perte de génotypes. Cependant, la perte était attendue comme assez faible puisqu'avec 1500 candidats initialement, le taux de perte le plus élevé (20%) laisse 1200 candidats disponibles, ce qui reste suffisant pour appliquer une pression de sélection. De plus, la perte de génotypes ne portant ici que sur les candidats, la précision de leurs valeurs génétiques (estimées à partir des génotypes et phénotypes des collatéraux) n'est pas affectée dans ce scénario. Il est cependant possible que dans un schéma prévoyant initialement moins de candidats, une perte de 20% des candidats ait plus de conséquences sur l'intensité de sélection et donc sur le progrès génétique réalisé.



Effet du recours à un remplacement des candidats sélectionnés sur le progrès génétique d'un caractère mesuré sur collatéraux

Utilisation de remplaçants : l'impact sur l'évolution du recours à des remplaçants des animaux sélectionnés est lui aussi relativement faible. Il est à noter cependant (résultats non-présentés ici) que les conséquences sont plus importantes pour l'apparentement et la consanguinité de la population, car la liste des animaux mis en reproduction n'est pas celle choisie de façon optimisée par le logiciel

Optichoix, qui propose la liste des animaux sélectionnés en maximisant le progrès génétique et en limitant l'augmentation de la parenté dans la génération suivante.

Acquisition de connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces travaux ont permis d'investiguer l'impact des erreurs de génotypages et de perte de reproducteurs sur le gain génétique, l'apparentement et la consanguinité de la population. Dans le contexte du schéma modélisé dans ces travaux, les erreurs et pertes ont des conséquences faibles sur le progrès génétique, la perte de reproducteurs étant par contre plus délétère pour la gestion de la consanguinité dans la lignée.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces résultats seront présentés aux sélectionneurs aquacoles.

Références bibliographiques citées :

Alberto Cesarani, Fernando Bussiman, Jorge Hidalgo, Matias Bermann, Ignacy Misztal, Daniela Lourenco, Genotyping errors can affect indirect predictions of young selection candidates: A simulation study, JDS Communications, 2026, ISSN 2666-9102, <https://doi.org/10.3168/jdsc.2025-0882>.

3.1.9 Design d'une puce Haute-Densité huitre pour l'huitre creuse *Crassostrea gigas* [ShellFishBoost – UE SBEP]

L'objectif de ce projet est de développer un outil de génotypage haute densité (HD) pour l'huitre creuse *Crassostrea gigas*. Les intérêts sont multiples : cet outil permettra i) de tester un grand nombre de SNPs pour, dans un second temps, disposer d'un outil moyenne densité de meilleure qualité, ii) tester l'imputation chez l'huitre creuse, et iii) mener des GWAS pour préciser ou détecter des QTLs associés aux caractères d'intérêt

État de l'art :

Un outil commercial moyenne densité existe pour l'huitre creuse, avec environ 40k SNPs disponibles (Gutierrez et al. 2017). Cet outil présente cependant des limitations, avec un faible nombre de SNPs utilisables et mal répartis sur le génome (Jourdan et al.) Une puce HD existe également, mais n'a pas été rendue disponible publiquement (Qi et al. 2017). Pour être en mesure de réaliser des GWAS, de conduire des études de sélection génomique, et de tester les possibilités d'imputation, il convient donc de développer un nouvel outil haute-densité en identifiant de nouveaux marqueurs SNPs. Les SNPs disponibles dans la littérature n'étant pas satisfaisants, il est important de repartir d'une base de données de séquençage large et diversifiée. La collecte de ces données a été réalisée dans des projets précédents, et une compilation d'une large quantité de séquences de génomes complets a été réalisée.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

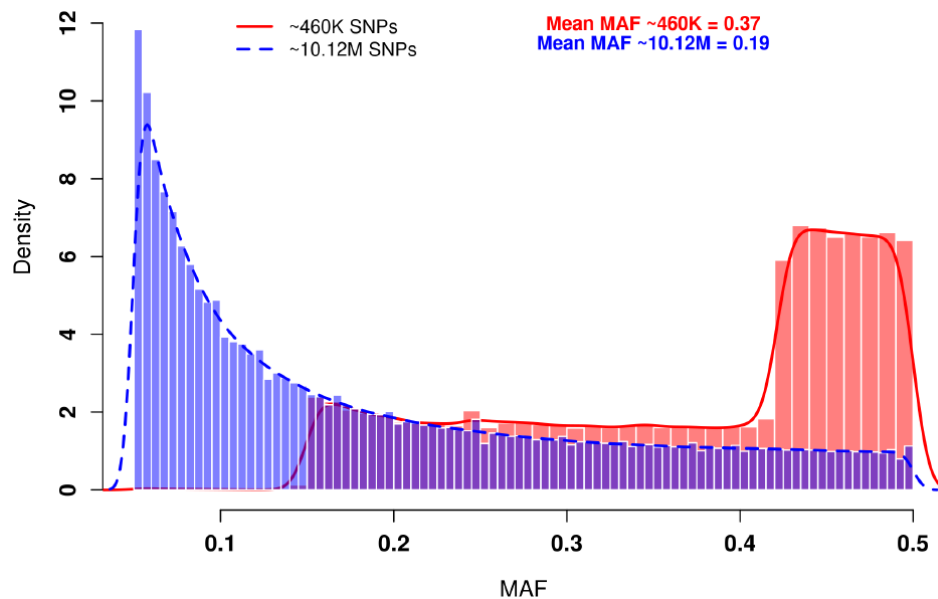
Le génome des mollusques étant notoirement polymorphe, des filtres de qualité très stricts doivent être appliqués dans la sélection des SNPs.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

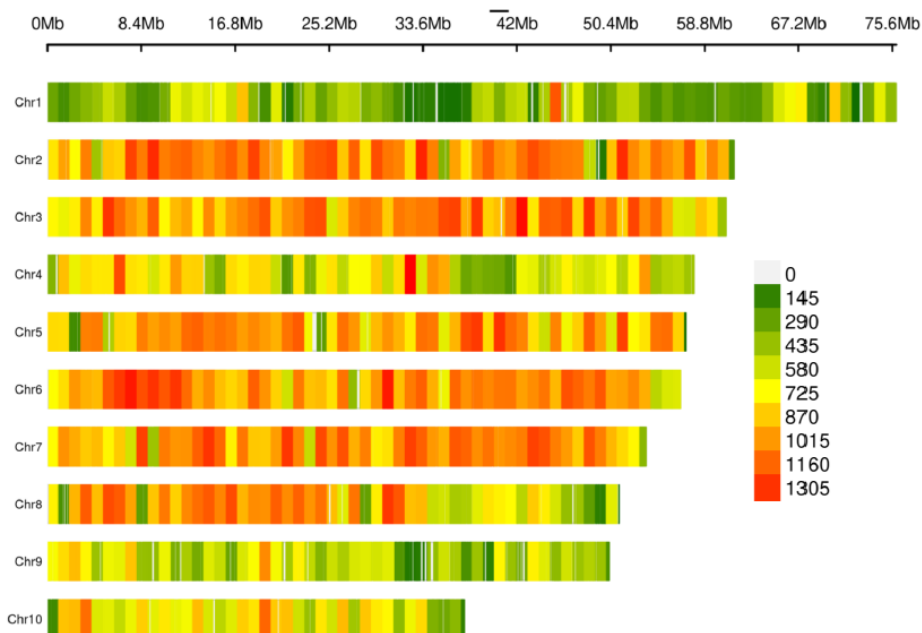
Un total de 199 génomes complets d'huitre creuse ont été analysés pour identifier des SNPs, issus de 4 projets différents (Vivaldi, GigaSex, GigaStore et le projet de thèse de Camille Pelletier). Ces génomes ont été assemblés et alignés avec le dernier génome de référence disponible avec GATK. La profondeur de séquençage moyenne était de 10X. 113,32 millions de SNPs ont été identifiés. Parmi ceux-ci, 10,12 millions ont passé les contrôles qualités (profondeur de séquençage > 5X, biallélique, index de qualité minimum à 30, p-value HWE > 10²⁵). Les 10,12 millions de SNP retenus ont été soumis au fabricant de puce (ThermoFischer) pour scoring. 3,7 millions de SNPs ont obtenu le statut « recommended ». Ils ont

ensuite été triés sur la MAF, avec un seuil minimum de 0,15 et une surreprésentation au-dessus de 0,40, et choisis de façon à être bien répartis tout le long du génome (cf. figure ci-dessous), pour arriver à 460 000 SNPs finaux montés sur la puce.

La puce sera testée sur toutes les populations commerciales du projet et sur des animaux Ifremer pour vérifier son informativité.



Distribution des MAF pour des SNPs avant sélection (bleu) et après sélection (rouge)



Distribution des SNPs sélectionnés pour la puce HD le long du génome de Crassostrea gigas. L'échelle de couleur indique le nombre de SNP sur chaque portion des chromosomes

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces travaux ont été présentés en réunion de suivi du projet, et feront l'objet d'une publication scientifique et d'une présentation au congrès Aquaculture Europe 2026.

Références bibliographiques citées :

Gutierrez, A. P., Turner, F., Gharbi, K., Talbot, R., Lowe, N. R., Peñaloza, C., ... & Houston, R. D. (2017). Development of a medium density combined-species SNP array for Pacific and European oysters (*Crassostrea gigas* and *Ostrea edulis*). *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 7(7), 2209-2218.

Jourdan, A., Morvezen, R., Enez, F., Haffray, P., Lange, A., Vétois, E., ... & Boudry, P. (2023). Potential of genomic selection for growth, meat content and colour traits in mixed-family breeding designs for the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Aquaculture*, 576, 739878.

Qi, H., Song, K., Li, C., Wang, W., Li, B., Li, L., & Zhang, G. (2017). Construction and evaluation of a high-density SNP array for the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*). *PLoS One*, 12(3), e0174007.

Compétitivité via l'amélioration continue des outils de collecte et de traitement des données

La R&D sur les outils informatiques a pour objectif de maintenir et d'améliorer la qualité de tous les aspects du traitement des données, en lien avec les évolutions des besoins des acteurs de la filière. La réalisation des travaux de R&D en génétique repose sur la collecte, le traitement et le stockage d'importants volumes de données relatives aux animaux : pedigree, performances, informations moléculaires. Toutes ces données sont copiées sur le serveur du SYSAAF, qui est actuellement une machine physique, nécessitant une solution de sauvegarde à très court terme, et un remplacement à court terme, d'où la réalisation de comparatifs entre des solutions de serveur physique et de solutions Cloud (action 3.1.10). Le maintien et l'amélioration de la compétitivité des acteurs de la filière nécessite un outil de collecte des phénotypes et des pedigrees en phase avec les besoins des programmes de sélection et de recherche tel qu'Eucalyptus, qui est issu de la convergence bientôt finalisée des outils de saisie historiques avicole et aquacole (action 3.1.11). Après la saisie des données vient leur remontée en base, ce qui peut représenter un challenge dans le cas de l'arrivée d'une nouvelle espèce comme le pigeon, avicole certes, mais nécessitant des développements nouveaux pour tenir compte de l'originalité de son mode de reproduction et de la gestion des générations (action 3.1.12). Autre nouvelle espèce, l'intégration du lapin en base de données et la préparation de premières évaluations génétiques au SYSAAF a également nécessité des travaux de R&D spécifiques (action 3.1.13). D'autres innovations dans les outils informatiques du SYSAAF ont porté sur les chaînes de traitement des données génomiques, afin de réaliser des assignations de parenté à partir de génotypes aquacoles (action 3.1.14). Dans certains schémas avicoles, l'historique croissant de données de génotypage pose des difficultés calculatoires pour les évaluations génomiques, en termes de convergence et de temps de calcul. Dans ce contexte, une méthode de prédiction indirecte permettant de travailler sur des jeux de données de taille restreinte a été investiguée (action 3.1.15). Également, un algorithme alternatif à celui couramment utilisé au SYSAAF pour les choix optimisés d'animaux a fait l'objet d'une étude comparative, afin de retenir pour les sélectionneurs la méthode la plus optimale pour la sélection de leurs reproducteurs (action 3.1.16). Nombre de travaux antérieurs ont porté sur la détection de marqueurs liés à des caractères d'intérêt afin de les prendre en compte dans les évaluations génomiques, mais les interactions entre marqueurs sont à ce jour peu étudiées : afin de mieux appréhender puis prendre en compte ces interactions, deux méthodologies recourant à l'intelligence artificielle ont été mises à l'épreuve (action 3.1.17) sur un caractère binaire.

3.1.10 Démarche de renouvellement du serveur de production et du serveur de secours [CASDAR]

Les serveurs actuels de production et de secours du SYSAAF, hébergeant les espaces de stockage et les outils d'analyses de données utilisés pour les indexations, doivent être renouvelés. Deux solutions de serveur « physique » ou serveur sur une plateforme « cloud » ont été envisagées et comparées en vue du renouvellement du serveur de production. Dans ce cadre, l'objectif ne se limite pas à un simple remplacement d'infrastructure, mais consiste à **évaluer expérimentalement la capacité de différentes architectures informatiques à supporter des charges de calcul intensives liées à l'évaluation génétique**, notamment en termes de performance des traitements.

État de l'art :

Le SYSAAF dispose jusqu'à présent de ses propres serveurs installés dans ses locaux de Nouzilly, reliés au réseau INRAE. Des solutions externalisées accessibles via les réseaux internet se sont fortement développées depuis plusieurs années, offrant une gestion allégée et une flexibilité accrue des ressources de calcul. Dans le domaine du calcul scientifique, et en particulier pour les applications en génétique quantitative, les infrastructures de type cloud sont aujourd'hui étudiées pour leur capacité à supporter des charges importantes et variables (Langmead et al. 2018). Des travaux appliqués aux sciences du vivant montrent toutefois que les performances, la latence d'accès aux données et la stabilité des environnements d'exécution peuvent varier fortement selon les configurations et les fournisseurs, ce qui rend nécessaire une phase d'évaluation. Ainsi, le choix entre infrastructure locale et cloud reste un problème ouvert dépendant fortement des contraintes des logiciels d'indexation utilisés, notamment pour des pipelines de calcul sensibles aux temps d'exécution et aux interruptions.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Il existe une très grande diversité de propositions externalisées de stockage et de calcul informatiques, offrant à chaque utilisateur la possibilité de disposer d'une solution adaptée à ses besoins. Le SYSAAF doit identifier au sein de cette large offre le prestataire et la solution lui permettant d'assurer un service au moins équivalent à celui offert jusqu'à présent à ses adhérents, pour un tarif compétitif. Plusieurs verrous ont été identifiés : i) l'incertitude sur les performances réelles des solutions cloud pour des traitements spécifiques d'indexation génétique (fortement dépendants des entrées/sorties disque et des calculs matriciels), ii) la variabilité des temps de calcul selon les paramètres (CPU, mémoire, stockage), iii) la difficulté d'optimisation des coûts dans un environnement à facturation dynamique. Les temps de calcul des multiples outils informatiques utilisés pour les traitements d'indexation génétique ont ainsi constitué un critère central d'évaluation.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Le SYSAAF dispose aujourd'hui de bases de données installées sur une technologie fournie par l'entreprise ORACLE. Les recherches de solutions informatiques se sont tournées vers ce prestataire reconnu. Le partenaire informatique du SYSAAF, Hizkia, a ainsi installé sur le cloud Oracle une copie des serveurs du SYSAAF.

Plusieurs essais ont été réalisés pour estimer les performances de traitements sur le cloud Oracle en fonction des multiples paramètres possibles (augmentation du nombre de processeurs et/ou de la mémoire vive dédiée). Ces performances ont été comparées à celles du serveur de production actuel du SYSAAF, dans une logique de benchmark en conditions réelles d'usage. La configuration du serveur de secours sur le cloud Oracle a été finalisée après recours au support d'Oracle pour résoudre des problèmes de performance identifiés lors des tests (temps de suppression de données), mettant en évidence des **limitations inattendues liées à la gestion des opérations massives sur les bases de données**. Le serveur cloud Oracle est désormais opérationnel en cas de défaillance majeure du serveur de Nouzilly.

De surcroît, différents essais ont été réalisés pour estimer le coût de fonctionnement de ce serveur cloud en mode « production ». Il s'est avéré que le coût était significativement supérieur à celui d'un serveur « physique » pour des performances équivalentes. Des arrêts intempestifs ont également fait apparaître des doutes sur la fiabilité de ce serveur en mode « production », soulevant des **questions sur la robustesse de ces infrastructures pour la réalisation d'évaluations génétiques en continu**. A la lumière de ces résultats, il a finalement été décidé de renouveler le serveur actuel par un nouveau serveur physique. Celui-ci a été configuré par notre prestataire informatique Hizkia et mis en service à l'automne 2025.

La plateforme « cloud » est conservée en tant que serveur de secours, comme présenté dans la figure ci-dessous. A cet effet un « crash-test » (arrêt du serveur actuel et redémarrage sur le serveur cloud) doit être programmé au printemps 2026, afin de **valider expérimentalement la capacité de bascule et la continuité de service**.

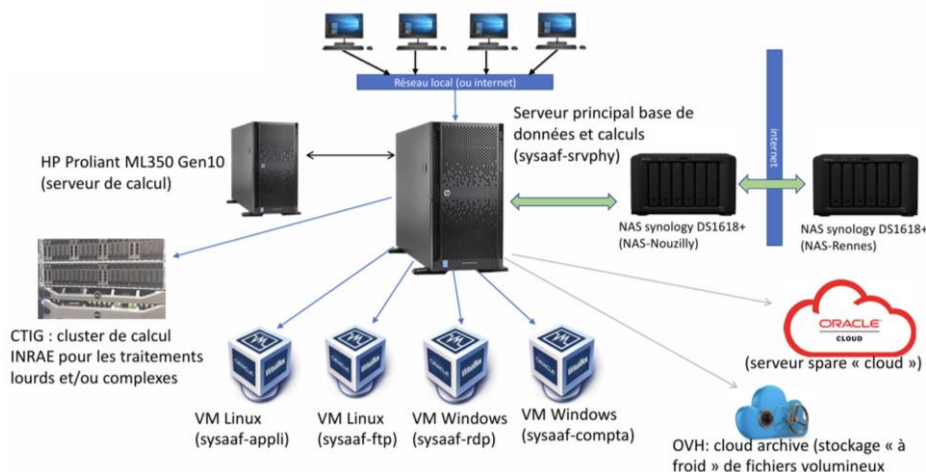


Schéma d'organisation informatique du SYSAAF

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Il est essentiel pour le SYSAAF de disposer d'un serveur fiable et d'une solution de secours pérenne pour assurer la continuité des services apportés à ses adhérents, et pour réaliser les actions de R&D engagées dans les programmes de recherche. Ces travaux ont permis d'acquérir des références expérimentales sur les performances du cloud pour des applications de génétique quantitative, de mieux caractériser les limites actuelles de ces solutions pour des traitements critiques, et finalement de consolider une architecture hybride (physique + cloud) adaptée aux contraintes métiers du SYSAAF. Ces résultats contribuent à sécuriser les activités de R&D et à orienter les choix technologiques futurs.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Le nouveau serveur de production mis en service à l'automne 2025 permet d'assurer le stockage des données, les indexations et les tâches de R&D pour les entreprises adhérentes. Les enseignements issus de cette étude comparative pourront être valorisés dans le cadre de réflexions plus larges sur l'utilisation du cloud pour les applications de calcul intensif en sélection animale.

Références bibliographiques citées :

Langmead, B., Nellore, A., 2018. Cloud computing for genomic data analysis and collaboration. Nat Rev Genet 19, 208–219. <https://doi.org/10.1038/nrg.2017.113>

3.1.11 Etudes sur la convergence des outils avicoles et aquacoles [dont CASDAR]

Les adhérents avicoles et aquacoles du SYSAAF ont à disposition des systèmes de saisie et gestion des données de sélection pour l'instant différents (INFAVI et INFAQUA). Avec l'arrivée des adhérents entomocoles il a semblé plus judicieux de fusionner les outils existants en un outil unique (EUCALYPTUS) et de l'étendre aux insectes plutôt que de créer un troisième système.

État de l'art :

InfAvi et InfAqua sont des logiciels de collecte et de gestion des données nécessaires à la bonne réalisation des expérimentations et travaux de sélection pour l'amélioration des populations avicoles et aquacoles. Ces logiciels, développés respectivement à partir de 1996 et de 2003, sont en mesure de collecter et de gérer l'intégralité des informations de pedigree, de performances (production, reproduction, résistance aux pathogènes, qualité des produits), et depuis peu génomiques (Brard-Fudulea and Enez, 2021). Ces outils sont le fruit d'un processus interactif de développement continu, de tests et d'améliorations entre les entreprises utilisatrices et le SYSAAF, ce qui permet de mutualiser

les avancées. Le développement des versions finalisées est réalisé en partenariat avec une société de développement informatique, Hizkia, ayant une bonne connaissance du contexte de l'amélioration génétique et de l'expérimentation en sélection. Initialement, la sélection aquacole pratiquée au début des années 2000 était une sélection massale optimisée de type 'PROSPER' (Chevassus et al., 2004) utilisant des animaux non identifiés individuellement. Il avait été jugé plus approprié dans ce contexte de créer un nouveau logiciel, InfAqua, plutôt que d'étendre les capacités d'InfAvi qui traitait des animaux de pedigree connu. Cependant, depuis 1997, l'utilisation des assignations de parenté s'est généralisée dans les schémas de sélection aquacoles, et la connaissance du pedigree des animaux a permis de faire évoluer InfAqua en y intégrant un nombre croissant de fonctionnalités présentes dans InfAvi. Ce nouveau contexte est en faveur de la fusion des deux outils préexistants en un outil unique : Eucalyptus. Par ailleurs, la filière de sélection entomocole ne dispose à ce jour d'aucun outil de collecte et gestion des données de sélection. Il semble donc opportun de prévoir la prise en charge des données entomocoles par l'outil Eucalyptus. Ce besoin d'un outil unique s'accompagne également de la nécessité d'avoir un logiciel capable de fonctionner sous différents environnements (Windows, Android, Linux), ce qui n'est pas le cas des logiciels préexistants, et qui représente un enjeu car seul l'environnement Android est disponible sur tablette et sur les nouveaux modèles de boîtier PDA (Personal Digital Assistant).

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Les verrous au développement d'un outil de collecte et de gestion des données unique et commun, Eucalyptus, se situent principalement au niveau du développement des applications nécessaires à l'enregistrement du pedigree et de de la ponte, qui se réalisent très différemment en fonction des espèces (les éclosions pedigree étant spécifiques des espèces avicoles) et du recours ou non à l'assignation de parenté (possible actuellement en espèces aquacoles et avicoles). La prise en compte de la collecte et de la gestion des données entomocoles comporte encore beaucoup d'incertitudes et de verrous, dans un contexte où les schémas de sélection sont tout juste naissants, et où la mesure de phénotypes individuels n'est pas toujours possible. Une collaboration rapprochée entre le SYSAAF, Hizkia et les entreprises de sélection est indispensable pour la levée de ces difficultés, et pour garantir la faisabilité des saisies via le matériel dont disposent déjà les adhérents.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les adhérents aquacoles ont quasiment tous migré d'INFAQUA vers EUCALYPTUS. Pour l'adapter aux besoins des adhérents avicoles, Hizkia a enrichi le module de saisie d'Eucalyptus des chantiers spécifiquement avicoles (mise en cages, contrôle de ponte, éclosion pedigree) et des chantiers spécifiquement entomocoles (reproduction en groupes d'individus). Le programme a également été adapté à l'écran d'un PDA. En 2025, ce nouveau module de saisie a été installé avec succès chez quatre adhérents avicoles en remplacement de l'ancien programme SysaafMobile. Une installation est aussi en préparation chez un adhérent entomocole pour une mise en œuvre d'EUCALYPTUS en 2026.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ce nouvel outil est indispensable pour les adhérents souhaitant travailler avec des PDA ou tablettes sous Android, afin de garantir une saisie sécurisée des phénotypes. La mutualisation avec un seul outil pour toutes les filières permettra des économies d'échelle pour les évolutions futures.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

La diffusion de l'outil chez les sélectionneurs est déjà bien engagée, et des formations seront organisées pour accompagner la transition.

Références bibliographiques citées :

Brard-Fudulea, S., Enez, F., 2021. Les outils de traitement des données du SYSAAF: nouveautés 2021 et prochaines évolutions. Presented at the 4èmes Journées Techniques Interfiliales du SYSAAF, Rennes.

Chevassus, B., Quillet, E., Krieg, F., Hollebecq, M.-G., Mambrini, M., Fauré, A., Labbé, L., Hiseux, J.-P., Vandeputte, M., 2004. Enhanced individual selection for selecting fast growing fish: the “PROSPER” method, with application on brown trout (*Salmo trutta fario*). *Genet Sel Evol* 36, 643–661. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-36-6-643>

3.1.12 Accueil des données pigeons dans la base SYSAAF [CASDAR]

En réponse à une demande adhérent, l’objectif est de rendre possible l’entrée en base de données SYSAAF de données de sélection de pigeon, avec pour finalité d’être en capacité, à partir de ces données, de réaliser des évaluations génétiques et de mener des travaux de R&D. Ces travaux doivent se réaliser en tenant compte des spécificités de conduite d’élevage et de structuration des données propres au pigeon de chair.

État de l’art :

L’adhérent souhaite confier au SYSAAF la sélection de plusieurs lignées de pigeons, actuellement gérées en interne chez le sélectionneur.

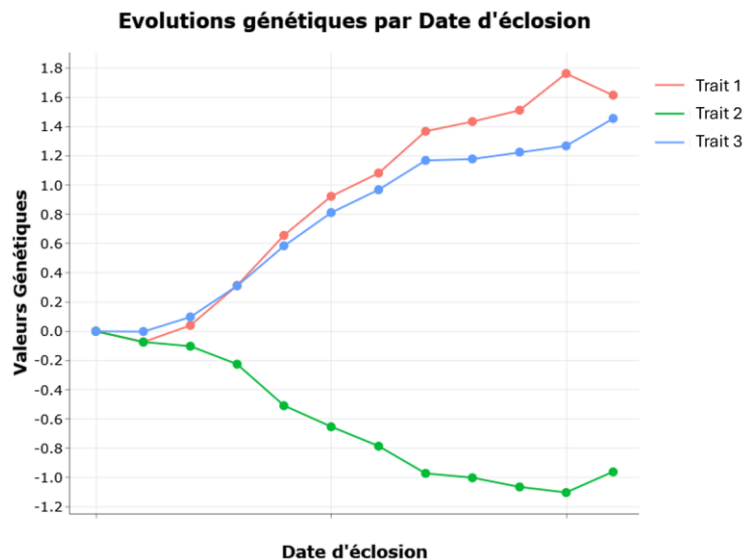
Chez les espèces avicoles, l’évaluation génétique repose classiquement sur des approches de génétique quantitative utilisant des modèles mixtes (BLUP), avec une structuration des données reposant sur des générations bien définies. Toutefois, Gordon (2004) montre que le pigeon présente des caractéristiques biologiques et de conduite spécifiques (reproduction en couple, rythme de ponte particulier) qui influencent directement les schémas de sélection et la structuration des données qui y sont acquises. Ces spécificités nécessitent des adaptations méthodologiques, tant au niveau de la gestion des données que de la modélisation des effets.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Les données ne sont pas gérées dans la base de données « Marker » de Grimaud Frères. Grimaud Frères est donc chargé de fournir au SYSAAF ces données selon le même format de fichiers que ceux provenant de la Base de Données « Marker » habituellement remontés en base pour les autres espèces traitées au SYSAAF. La mise en forme des données pour la base SYSAAF pose plusieurs challenges, notamment i) l’absence de notion explicite de génération qui rend plus complexe la structuration temporelle des données, et ii) l’hétérogénéité des données historiques issues de systèmes de gestion internes. Une fois les données intégrées à la base de données du SYSAAF, des actions spécifiques devront également être créées pour tenir compte de la particularité du cycle de sélection des pigeons.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les travaux réalisés en 2025 ont consisté à remonter en base de données les données généalogiques et phénotypiques de plusieurs lignées, puis à créer à partir de ces données les caractères d’intérêt et les effets associés. Une phase exploratoire a permis de tester différentes structurations des données, notamment pour pallier l’absence de générations explicites, et pour adapter la prise en compte des effets liés aux reproducteurs. Les modèles d’évaluation génétique ont ensuite pu être mis en œuvre, et les paramètres génétiques obtenus ont été comparés à ceux de l’adhérent. Des écarts observés ont conduit à rectifier l’application de certains effets. Les valeurs génétiques ont ensuite pu être comparées à celles calculées par l’adhérent, et des courbes d’évolution génétique ont été produites, comme présentées dans la figure ci-dessous. Cette démarche a permis de lever progressivement les incertitudes initiales, tout en proposant une structure de base de données adaptée à cette nouvelle espèce.



Evolutions génétiques de trois caractères d'intérêt, exprimées en unité d'écart-types génétiques

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Le cycle de sélection des pigeons diffère de celui des lignées gérées habituellement par le SYSAAF. L'accueil de cette espèce en base a été une opportunité pour améliorer l'outil Koala, l'adapter à diverses situations et potentiellement à d'autres espèces futures.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces travaux ont été valorisés par le calcul de valeurs génétiques pour l'adhérent demandeur, devant donner lieu à la pérennisation des indexations de cette espèce par le SYSAAF.

Références bibliographiques citées :

Gordon, I., 2004. Reproductive technologies in farm animals. Introduction. pp. 1–48.
<https://doi.org/10.1079/9780851998626.0001>

3.1.13 Intégration des lapins en BDD et développement d'un rapport post-indexation [CASDAR]

Dans un contexte de diversification de ses activités, le SYSAAF a été sollicité pour apporter un appui à la sélection et à la R&D sur une nouvelle espèce : le lapin. Cette évolution soulève une problématique scientifique et technique : comment adapter des infrastructures de gestion de données, initialement développés pour des espèces avicoles, à une espèce mammifère présentant des dynamiques biologiques et génétiques spécifiques (reproduction, structure de pedigree, répétabilité des performances) ?

État de l'art :

L'évaluation génétique chez le lapin repose sur les principes de la génétique quantitative et l'utilisation de modèles mixtes linéaires de type BLUP (Best Linear Unbiased Prediction), permettant d'estimer les valeurs génétiques individuelles à partir de données phénotypiques et généalogiques. Les travaux de Gunia et al. (2018) illustrent notamment l'utilisation d'un modèle animal avec données répétées pour des caractères de reproduction, en intégrant des effets environnementaux et des structures de données longitudinales. Ces approches mettent en évidence la nécessité de mettre en œuvre une modélisation complète des effets fixes (parité, bande, élevage), et de prendre en compte la répétabilité intra-individu dans les modèles. Par ailleurs, les schémas de sélection cynicoles se

caractérisent par des intervalles de génération courts, ce qui impose des contraintes spécifiques sur la fréquence des évaluations et sur la gestion des flux d'informations nécessaires pour ces évaluations. Dans ce contexte, l'intégration de cette espèce dans une base de données multi-espèces constitue un enjeu, nécessitant la création de structures adaptées à ce type de données et de modèles.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Avant le démarrage, un verrou informatique a été identifié au niveau de l'adaptation de l'architecture de bases de données à des flux de données hétérogènes (nombre de générations phénotypées variables suivant le caractère, enregistrements répétés, effets multiples). Un risque opérationnel était également possible, en lien avec l'utilisation au SYSAAF d'un logiciel d'indexation différent de celui utilisé par INRAE pour produire les paramètres génétiques et les valeurs génétiques servant ici de référence : le risque était de ne pas être en mesure de coder exactement les mêmes modèles, et d'obtenir des paramètres génétiques possiblement différents de ceux attendus.

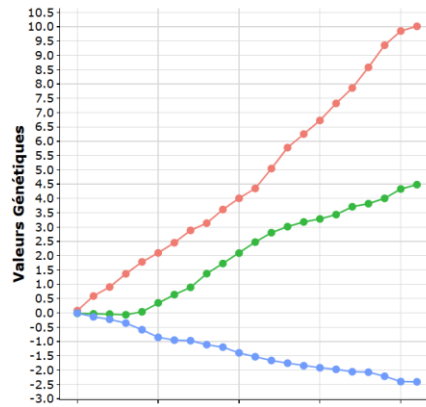
Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Les travaux ont été conduits selon une démarche comprenant des développements informatiques, des phases de calcul et des phases de validation pour les actions suivantes :

- Structuration et intégration des données : intégration des données généalogiques et phénotypiques, avec contrôles de cohérence sur les pedigrees (complétude, profondeur, détection et correction d'anomalies présentes dans le jeu de données initial)
- Construction des variables et des effets : définition des caractères d'intérêt et formalisation des effets fixes et aléatoires pertinents
- Développement et adaptation des modèles d'évaluation génétique : implémentation de modèles mixtes de type BLUP (modèle animal avec données répétées), adaptés aux spécificités des données lapins, et estimation des paramètres génétiques par méthode REML.
- Validation expérimentale des résultats : analyse des héritabilités et corrélations génétiques obtenues, comparaison aux valeurs de référence, et évaluation de la sensibilité des résultats à la composition des modèles (mono vs multi-caractères).
- Calcul des valeurs génétiques : production des index génétiques et calcul de valeurs d'apparentement pour prise en compte dans les choix de reproducteurs
- Développement d'outils de restitution : création de fichiers et supports de rendu permettant la vérification des données prises en compte dans l'évaluation et d'en visualiser les principaux résultats.

Tout au long du projet, des réunions de travail ont eu lieu avec l'adhérent pour valider les données remontées en bases (statistiques descriptives des phénotypes, consanguinité estimée à partir du pedigree), puis les paramètres génétiques estimés (valeurs d'héritabilité et de corrélations génétiques entre caractères). Ces échanges sur les résultats ont conduit à corriger le recodage et l'application de certains effets, afin de produire des valeurs conformes aux références connues pour les lignées.

Afin de répondre à la demande du sélectionneur d'un retour sur les données prises en compte dans l'indexation, des développements informatiques ont été réalisés, permettant de produire un rapport post-indexation interactif au format html. Ce rapport permet de consulter les phénotypes utilisés dans l'indexation, et les évolutions génétiques obtenues (en écart-type génétique et en unité brute du caractère). La figure ci-dessous extraite de ce rapport présente l'allure des évolutions génétiques au cours du temps pour 3 caractères d'intérêt.



Extrait du rapport d'indexation : évolution génétique par pas de temps de 3 caractères d'intérêt indexés dans une lignée de lapins

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Pour le SYSAAF, les apports sont doubles, avec d'une part l'intégration réussie des données d'une nouvelle espèce dans des structures de bases de données initialement développées pour l'aviculture, et d'autre part la création d'un rendu post-indexation transférable aux autres espèces traitées par le SYSAAF.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les travaux ont donné lieu à la mise en production des évaluations génétiques des lapins, à l'adaptation d'un outil pour réaliser des plans d'accouplements, et au développement d'un rendu post-indexation utilisable pour d'autres adhérents du SYSAAF. Ce nouveau format de rendu est en cours de présentation aux sélectionneurs du SYSAAF.

Références bibliographiques citées :

Gunia, M., David, I., Hurtaud, J., Maupin, M., Gilbert, H., Garreau, H., 2018. Genetic Parameters for Resistance to Non-specific Diseases and Production Traits Measured in Challenging and Selection Environments; Application to a Rabbit Case. *Front. Genet.* 9.
<https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00467>

3.1.14 Développement d'une chaîne de traitement automatisée pour les assignations de parenté et la préparation des données génomiques de multiples espèces aquacoles [dont CASDAR]

Le SYSAAF conseille de nombreuses entreprises aquacoles pour leurs programmes de sélection, contribuant à la gestion et l'amélioration génétique d'une vingtaine d'espèces de ce secteur. L'objectif de ce projet était de développer une chaîne de traitement carrossée pour la réalisation d'assignations de parenté s'adaptant automatiquement aux spécificités du génome de chaque espèce et combinant les génotypes pouvant être acquis avec de multiples outils et panels de marqueurs différents.

État de l'art :

L'identification individuelle des animaux dès la naissance est très compliquée chez les espèces aquacoles qui peuvent produire des dizaines de milliers de descendants lors des reproductions. Dans ces conditions, la reconstitution du pedigree à l'aide de marqueurs génétiques est une méthode efficace pour l'amélioration et la gestion génétique des cheptels en sélection (Vandeputte et Haffray, 2014). Des panels de marqueurs SNPs ont été développés pour la majorité des espèces aquacoles d'intérêt commercial dans le monde (Yáñez et al., 2023). De précédents travaux réalisés au SYSAAF

avaient permis de définir les conditions d'utilisation du logiciel APIS (Griot et al., 2019) pour assigner sans erreur plusieurs milliers de descendants à plusieurs centaines de parents potentiels, à partir de résultats de génotypage (cf. dossier CIR 2023). Les travaux d'optimisation des schémas de sélection ont abouti au développement de panels de taille réduite, mais avec suffisamment de marqueurs pour l'imputation vers des panels plus importants et l'estimation efficace des valeurs génomiques (Phocas, 2022). Le SYSAAF a déjà mis en place une base de données dédiée au stockage de l'ensemble des génotypes générés par les programmes de R&D et programmes de sélection des entreprises adhérentes au SYSAAF.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Un premier verrou à lever était la mise en place de procédure d'extractions de génotypage permettant de cibler les individus dont le pedigree était à reconstituer et leurs parents potentiels, et le génotype le plus pertinent à utiliser pour chacun dans le cas où les individus auraient été génotypés plusieurs fois sur des outils et panels de marqueurs potentiellement différents. Les génomes de chaque espèce ont leurs propres spécificités, la prise en compte des particularités de chacune au sein d'une chaîne de traitement commune était une difficulté nécessaire à résoudre pour disposer d'un outil performant et simple à utiliser.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

La mise en place d'extractions ciblées des génotypes a été réalisée en sous-traitance avec l'entreprise Hizkia : les besoins d'extractions ont été définis, et les développements informatiques réalisés par Hizkia ont été testés par le SYSAAF. A cette fin, des exports de données de génotypage d'individus à assigner (parents et descendants) ont été réalisés, en ciblant un nombre défini de générations comportant des animaux génotypés sur différentes puces. Les génotypages ainsi extraits de la base ont été vérifiés afin de s'assurer que la totalité des animaux ciblés étaient présents, et que les règles de priorité d'export en cas de présence de génotypages multiples pour un individu étaient bien respectées, de façon à n'avoir *in fine* qu'un seul génotypage par animal dans les fichiers d'extraction. Des scripts de filtres et mises en forme des données, s'adaptant automatiquement aux spécificités de l'espèce travaillée, ont été mis au point et intégrés à l'outil interne de préparation des données d'analyse. Ces scripts ont été intégrés aux chaînes de traitement destinées (i) à la reconstitution des pedigrees par assignation de parenté et (ii) à la préparation des données génomiques destinées aux analyses génétiques pouvant inclure ou non une étape d'imputation. Leur utilisation a été validée sur un jeu de données réelles.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ce projet a permis le développement de chaînes de traitement des génotypes destinés à l'assignation de parenté ou aux analyses génomiques afin d'assurer un traitement harmonisé, sécurisé et répétable sur de grands jeux de données extraits des bases de données.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les développements réalisés ont été valorisés via des procédures utilisées depuis pour les assignations de parenté ou la préparation des traitements génomiques pour la sélection et/ou à des fins expérimentales.

Références bibliographiques citées :

Griot, R., Allal, F., Brard-Fudulea, S., Morvezen, R., Haffray, P., Phocas, F., Vandeputte, M., 2019. APIS: An Auto-Adaptive Parentage Inference Software that tolerates missing parents. *Molecular Ecology Resources*. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13103>

Phocas, F., 2022. Genotyping, the Usefulness of Imputation to Increase SNP Density, and Imputation Methods and Tools, in: Ahmadi, N., Bartholomé, J. (Eds.), *Complex Trait Prediction, Methods in Molecular Biology*. Springer US, New York, NY, pp. 113–138. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2205-6_4

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

Yáñez, J.M., Barría, A., López, M.E., Moen, T., Garcia, B.F., Yoshida, G.M., Xu, P., 2023. Genome-wide association and genomic selection in aquaculture. *Reviews in Aquaculture* 15, 645–675. <https://doi.org/10.1111/raq.12750>

3.1.15 Comparaison d'évaluations génomiques ssGBLUP et IP (Indirect Prediction) pour un gain en efficacité des indexations génomiques [CASDAR]

Depuis la mise en place de la sélection génomique dans les schémas avicoles, l'acquisition de données de génotypage et de nouveaux phénotypes sur un nombre croissant de générations a conduit à une augmentation en volume des jeux de données à analyser lors des évaluations génomiques. Dans un certain nombre de lignées, le nombre croissant de données de génotypage est devenu problématique pour la convergence d'analyses multi-caractères, en particulier pour des phénotypes dont l'acquisition a commencé sur un nombre restreint de générations, ce qui conduit à avoir dans une évaluation un très grand nombre d'animaux génotypés, pour très peu de phénotypes en proportion. Ces travaux visaient à développer une stratégie d'évaluation permettant de se libérer de ces contraintes liées à la taille des jeux de données de génotypage.

État de l'art :

L'augmentation rapide de la taille des jeux de données en évaluation génomique impose une adaptation des méthodes de calcul, les approches classiques devenant limitées en mémoire et en temps de calcul (Lourenco et al. 2020). Dans ce contexte, des stratégies visant à réduire la dimension effective des problèmes ont été proposées, parmi lesquelles les Indirect Predictions (IP). Ces approches consistent à réaliser d'abord l'estimation des effets SNP à partir d'un sous-ensemble d'individus informatifs, puis à propager l'information génomique vers le reste de la population, limitant ainsi le coût du ssGBLUP. Comme le soulignent Lourenco *et al.* (2020), ces méthodes permettent de conserver une bonne précision des prédictions tout en améliorant fortement l'efficacité computationnelle, ce qui les rend particulièrement adaptées aux évaluations à grande échelle.

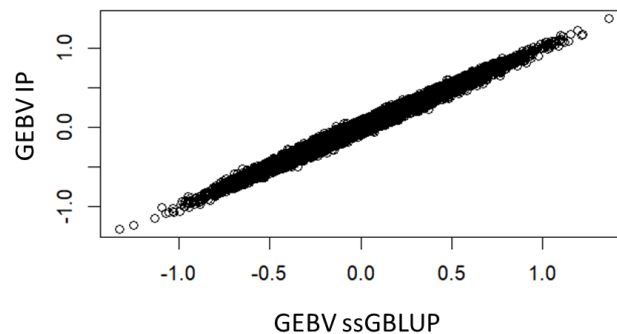
Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Malgré leurs avantages en termes de temps de calcul, les méthodes d'Indirect Predictions introduisent des sources d'incertitude liées notamment au sous-ensemble d'individus considérés dans la population de référence pour estimer les effets SNP (Lourenco et al. 2020). En particulier, une mauvaise représentativité de ce noyau peut entraîner une perte de précision ou un biais dans les GEBV propagées au reste de la population. Dans ce cadre, il est essentiel de valider empiriquement les performances des IP sur un jeu de données réelles, afin de vérifier la cohérence des résultats d'une évaluation par prédiction indirecte par rapport à une évaluation génomique single-step habituelle.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

La validation empirique du calcul des GEBV par prédiction indirecte a été réalisée sur un jeu de données comportant initialement plusieurs dizaines de milliers d'animaux génotypés. Un script a été développé puis mis en œuvre pour 11 caractères d'intérêt : ce programme permet pour chaque caractère ou groupe de caractère d'identifier les individus phénotypés et leurs ascendants directs, et de générer des jeux de données limités à ces animaux informatifs. Sur ces jeux de données réduits, une évaluation en ssGBLUP a été réalisée avec le logiciel blupf90+, puis le module postGSf90 a été utilisé pour calculer les effets des SNP. Ces effets ont ensuite été pris en compte avec le module predf90 pour calculer les GEBV d'animaux génotypés non-informatifs, en particulier les candidats à la sélection. Les GEBV des candidats obtenues par Indirect Prediction ont été comparées aux GEBV issues d'une évaluation

ssGBLUP classique pour ces mêmes animaux. De très fortes corrélations ont été observées pour tous les caractères testés, comme l'illustre la figure suivante pour un caractère de poids vif (corrélation = 0.995)



Graphique de comparaison entre les GEBV de candidats obtenues par ssGBLUP sur un jeu de données complet vs les GEBV de ces mêmes candidats obtenues par Indirect Prediction

Les temps de calcul entre les deux méthodes ont été comparés, ce qui a permis de constater une forte réduction des temps d'exécution des calculs : par exemple passage de 2h27m38s à 36m26s pour un jeu de données de 3 caractères réduit en taille de 38% via la méthode IP, ou encore passage de 25m07s à 48s pour un jeu de données mono-caractère réduit en taille de 81% via la méthode IP.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces travaux sur de comparaison d'évaluation génomique ont permis d'une part de valider la cohérence de résultats entre la méthode ssGBLUP initiale et la méthode IP cible, et d'autre part d'apprécier le gain en temps de réalisation des calculs. Une autre plus-value de ces travaux d'évolution méthodologique du calcul des GEBV est de rendre de nouveau possible la réalisation d'un certain nombre d'analyses multi-caractères, qui avait été remplacées par des analyses mono-caractères en raison de problèmes computationnels. Validés sur une première espèce, la généralisation de la méthode Indirect Prediction peut être envisagée à plus large échelle pour tous les schémas génotypant la totalité de leurs candidats à la sélection.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les résultats de ces travaux ont été communiqués au sélectionneur des lignées concernées, et implémentés dans les chaînes de calcul du SYSAAF en vue des évaluations génomique prévues en 2026. Une présentation de ces résultats est également prévue en interne au SYSAAF afin de favoriser la diffusion de la méthode aux autres espèces susceptibles d'être confrontées à terme aux mêmes limites calculatoires.

Références bibliographiques citées :

Lourenco, D., Legarra, A., Tsuruta, S., Masuda, Y., Aguilar, I., Misztal, I., 2020. Single-Step Genomic Evaluations from Theory to Practice: Using SNP Chips and Sequence Data in BLUPF90. Genes 11, 790. <https://doi.org/10.3390/genes11070790>

3.1.16 Evolution des algorithmes de choix génétiques utilisés au SYSAAF [Maât – AGENAVI]

L'objectif de ce projet est de tester l'efficacité de l'algorithme génétique pour le choix des animaux et de comparer ses performances à l'algorithme de recuit-simulé.

État de l'art :

A la suite d'une évaluation génétique d'un cheptel, le SYSAAF propose un choix des futurs reproducteurs de sorte à satisfaire les objectifs de sélection de la lignée. Ces objectifs de sélection sont multifactoriels : augmentation des performances, contrôle de la parenté/consanguinité, stabilisation de certains caractères. Un algorithme de choix est nécessaire pour résoudre ce problème complexe de contribution optimale (*Optimal Contribution Selection*; Meuwissen, 1997, Wellman, 2019). Un algorithme d'optimisation sous contraintes est utilisé depuis une dizaine d'année par le SYSAAF pour répondre à cet objectif : le recuit-simulé (Chapuis et al., 2014). Depuis 10 ans, aucune évolution significative de cet algorithme n'a été apportée par le SYSAAF. Aucune étude comparative avec des algorithmes concurrents n'a été produite. Ce projet vise à tester les performances de l'algorithme de recuit-simulé (RS) au regard d'un algorithme concurrent : l'algorithme génétique (Kinghorn, 2011).

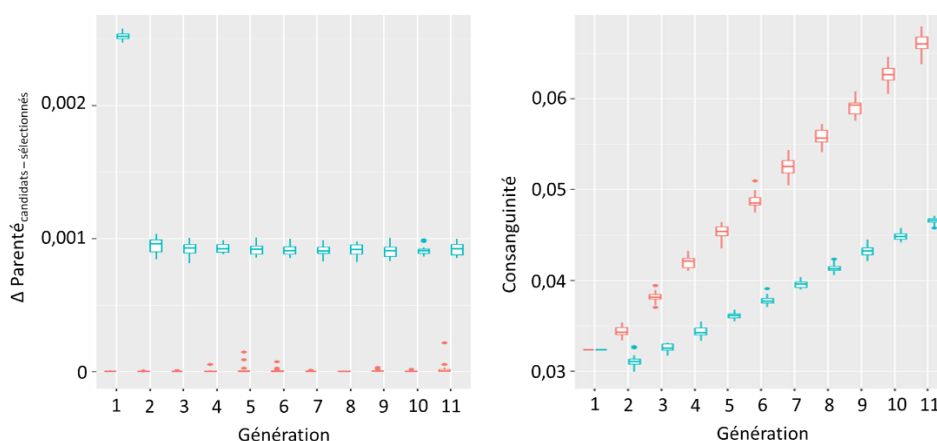
Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Il est possible que l'algorithme génétique ne soit pas plus performant que l'algorithme de recuit-simulé malgré l'existence d'études comparatives généralistes indiquant la supériorité de l'algorithme génétique (e.g. Hart, 1995)

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

À la suite des résultats prometteurs obtenus en 2024, une étude plus approfondie des performances de l'algorithme génétique par rapport à l'algorithme de recuit-simulé a été menée. Des scénarios de sélection de complexité variable (prise en compte de caractères corrélés, contrainte sur un caractère) ont été simulés en faisant varier à la fois la taille de la population de candidats et celle de la population utilisée par l'algorithme génétique. La taille de la population d'individus sélectionnés était conservée constante.

Sur une génération, et quel que soit le scénario considéré, les performances de l'algorithme génétique en terme de progrès génétique se sont révélées supérieures à celles de l'algorithme de recuit simulé. Cet écart de performance augmente avec la taille de la population utilisée par l'algorithme génétique. Des simulations conduites sur plusieurs générations ont confirmé cette tendance. Cependant, l'analyse de l'évolution de la consanguinité a montré une augmentation nettement plus marquée avec l'algorithme génétique qu'avec l'algorithme de recuit simulé. Après investigation, il est apparu que l'algorithme de recuit simulé, tel qu'implémenté dans le logiciel OptiChoix, n'optimise pas directement la parenté entre les animaux sélectionnés, contrairement à ce que laissent entendre ses sorties. Il optimise en réalité la parenté attendue parmi les descendants des animaux sélectionnés, conformément à la formule 5.2 de Falconer et Mackay (1996).



Comparaison des performances de l'algorithme de recuit simulé (bleu) et de l'algorithme génétique (rouge) pour la gestion de la diversité génétique : vingt répétitions par algorithme du même scénario sont présentées ici, 1500 individus sont candidats à la sélection pour chaque génération, la taille de la population de l'algorithme génétique est de 300. A gauche : représentation de l'écart entre la parenté des candidats et celle des sélectionnés. A droite : représentation de l'évolution de la consanguinité.

L'algorithme génétique avait initialement été paramétré pour contraindre la parenté entre les individus sélectionnés eux-mêmes, c'est-à-dire en imposant que la parenté moyenne entre individus sélectionnés ne dépasse pas celle observée entre candidats. L'approche utilisée dans l'algorithme de recuit simulé est donc beaucoup plus conservatrice vis-à-vis de la parenté entre animaux sélectionnés, ce qui se traduit par une réduction des gains génétiques attendus.

Après modification du paramétrage de l'algorithme génétique afin d'optimiser la même mesure de parenté que celle utilisée par l'algorithme de recuit simulé, les premières comparaisons réalisées indiquent que les deux approches présentent des performances très proches. Toutefois, l'algorithme génétique nécessite un temps de calcul nettement plus important.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Malgré l'absence de meilleurs résultats produits par l'algorithme génétique relativement à l'algorithme génétique, cette étude a permis à l'ensemble des généticiens du SYSAAF de comprendre en détail le fonctionnement de l'algorithme de recuit-simulé qui est utilisé en routine depuis plusieurs années. Cette compréhension plus fine permettra d'imaginer les futures évolutions de l'algorithme de choix (inclusion de la matrice de ressemblance génomique, optimisation multi-objectifs).

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces travaux ont fait l'objets d'une présentation en séminaire interne du SYSAAF : Rouger, R., 2025. Point d'avancement du travail de comparaison entre l'algorithme de comparaison entre l'algorithme de recuit-simulé (optichoix) et l'algorithme génétique (Maât) pour le choix des animaux. Séminaire interne SYSAAF 03/10/25

Références bibliographiques citées :

Meuwissen, T.H.E, 1997. Maximising the response of selection with a predefined rate of inbreeding. J. Animal Sci. 75:934-940
Wellmann, R., 2019. Optimum contribution selection for animal breeding and conservation: the R package optiSel. BMC Bioinformatics 20, 25
Chapuis, H., Pincent, C., Colleau, J.J., 2015. Optimizing selection with several constraints in poultry breeding. J. Anim. Breed. Genet. 133(1):3-12.
Kingham, B.P., 2011. An algorithm for efficient constrained mate selection. Genet. Sel. 43:4
Hart, W.E., 1995. A theoretical comparison of evolutionary algorithms and simulated annealing. Conference on Evolutionary programming, (San Diego, United States), 29 Feb 1996.
Falconer, D.S., MacKay, T.F.C., 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4ème édition. Harlow, UK: Longman 464p. ISBN: 978-0582243026

3.1.17 Comparaison de différents algorithmes d'IA pour la détection d'interactions entre QTL [SEPIAA France 2030]

Ce projet consistait à identifier ou développer une ou des approches statistiques SML (petit modèle de langage) qui permettraient, avec un nombre d'individus testés le plus faible possible, une identification précise des principaux QTL intervenant sur des caractères binaires (survie : mort/vivant) et une quantification des interactions qu'ils peuvent avoir entre eux.

État de l'art :

Si de nombreuses approches sont possibles pour identifier les QTL, en revanche la recherche approfondie de la littérature conduite en démarrage de projet ne nous a permis d'identifier que deux approches (avec package R disponibles) qui soient potentiellement à même de quantifier des interactions entre QTL dans le cadre statistique correspondant à nos données (plusieurs dizaines à centaines de milliers de marqueurs génomiques à associer aux phénotypes binaires de survie évaluée

sur un nombre limité à quelques milliers d'individus). Ces approches sont basées sur des algorithmes de forêt aléatoire (Random Forest) : iterative random forest (iRF) (Basu et al. 2017), et interaction forest (IF) (Hornung et Boulesteix 2022)

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Il n'existait aucune méthode permettant de comparer objectivement les différents algorithmes. Ainsi, afin de tester ces deux méthodes nous avons tout d'abord programmé un module en python permettant de simuler des phénotypes avec effets principaux et effets d'interactions entre QTL pour N individus (notés i dans l'équation ci-dessous) associés à des génotypes fournis en entrée pour un nombre p de marqueurs bi-alléliques.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Après avoir programmé ce module, nous avons pu valider l'intérêt des deux approches pré-citées sur un cas d'étude simple. Pour 4360 individus, nous avons échantillonné p=39829 SNPs. Nous avons positionné 25 QTL sur les marqueurs identifiés dans cette analyse en attribuant à 5 QTL des effets principaux très forts ($\beta_k = 31\% \sigma_p$), à 10 QTL des effets plus ($\beta_k = 18\% \sigma_p$) ou moins ($\beta_k = 15\% \sigma_p$) conséquents et à 10 QTL des effets plus faibles ($\beta_k = 6\% \sigma_p$), sous l'hypothèse d'une héritabilité très élevée du caractère ($h^2=0,80$). Nous avons ensuite simulé trois interactions d'ordre 2 entre quatre QTL (Q1_1, Q1_6, Q16_1 et Q16_3) à effets très forts identifiés sur les chromosomes 1 et 16.

L'IF n'a permis d'identifier aucune des trois interactions de ce cas d'étude. Cette approche semble donc peu prometteuse. En revanche l'iRF a bien détecté les trois interactions, avec une précision faible ($=0,23$) mais une sensibilité et spécificité de 1. En effet aucun « faux-négatifs » et seulement 10 « faux-positifs » ont été identifiés par l'iRF parmi $p*(p-1)/2$ interactions possibles deux-à-deux (soit 793 154 706 combinaisons). Cette détection s'est faite en 48h de CPU sur le cluster de calcul du CTIG (INRAE Jouy-en-Josas) avec les paramètres par défaut de l'algorithme à l'exception du nombre de variables échantillonnées à chaque nœud (mtry) mis à la valeur de 70 (contre une valeur par défaut fixée à la racine carrée de p, soit 200).

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Ces travaux nous permettent d'avoir un protocole robuste pour tester les différents algorithmes d'IA pour la détection d'interaction entre QTL. Ceci est donc une première étape vers la détection et l'utilisation des interaction entre QTL dans les programmes de sélection aquacoles.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces travaux n'ont pas encore fait l'objet de présentation ou de diffusion, leur valorisation se fera ultérieurement dans le cadre du projet SEPIAA qui se poursuit.

Références bibliographiques citées :

Basu, S., Kumbier, K., Brown, J.B. and Yu, B., 2018. Iterative random forests to discover predictive and stable high-order interactions. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115(8), pp.1943-1948.

Hornung, R. and Boulesteix, A.L., 2022. Interaction forests: Identifying and exploiting interpretable quantitative and qualitative interaction effects. *Computational Statistics & Data Analysis*, 171, p.107460.

3.2 Intégrer les nouveaux caractères, adaptés aux changements agroécologiques et aux attentes sociétales, dans les travaux de sélection

La réponse aux attentes sociétales et la préparation des animaux aux changements agroécologiques font partie des préoccupations des sélectionneurs, et sont l'objet de projets de R&D dédiés. Parmi ces

sujets, on peut mentionner les conditions d'élevage des animaux, leur résistance aux maladies, ou encore la réalisation de mesures non létales. En 2025, la réponse aux attentes sociétales a été abordée principalement sous l'angle de la survie des animaux. Des travaux de simulation ont porté sur l'intérêt de challenges au champ en espèces piscicoles et conchylicoles pour améliorer la résistance des populations aux pathogènes présents dans les milieux (action 3.2.1). Plus spécifiquement, dans une population conchylicole, des paramètres génétiques pour la survie au 2^{ème} été d'élevage ont été estimés sur la base de données génomiques (action 3.2.2). En filière trutticole, une étude a été réalisée afin d'estimer les paramètres génétiques et corrélations génétiques entre les critères d'intérêt de production d'œufs en 1^{ère} ponte, et la capacité à atteindre l'âge de la 2nde ponte. La survie des animaux est également un sujet d'intérêt en espèce avicole. Dans ce contexte, des estimations de paramètres génétiques et des indexations ont porté sur des phénotypes de longévité dans plusieurs lignées (action 3.2.4).

3.2.1 Optimisation de la méthode de sélection pour des caractères de résistance avec mortalité au champ chez les mollusques et chez les poissons [SEPIAA France2030]

Les différentes filières aquacoles font face à des périodes de mortalité au champs liés aux conditions du milieu (hyperthermie, maladie, ...). La survenue de tels événements sur des populations en sélection ouvre la possibilité sélectionner directement sur ce critère, plutôt que de recourir à des challenges. L'objectif est de déterminer par simulation dans quelles conditions la sélection sur le phénotype de survie au champ serait réalisable.

État de l'art :

Aucune méthode de sélection généalogique utilisant des phénotypes dérivés uniquement des survivants n'a été évaluée à ce jour pour de la sélection sur un caractère de résistance. Il est donc nécessaire de quantifier l'efficacité d'une telle méthode novatrice. En aquaculture, la sélection pour la résistance aux maladies et aux stress environnementaux repose généralement sur des dispositifs expérimentaux permettant d'observer l'ensemble des individus exposés (survivants et non survivants), afin d'estimer des paramètres génétiques robustes. Azema et al. (2017) montrent que la résistance aux agents pathogènes chez l'huître creuse présente une héritabilité significative et peut être sélectionnée efficacement, à condition de disposer de données complètes issues de dispositifs contrôlés incluant les individus morts et survivants. Ces approches reposent donc sur une information exhaustive, permettant une modélisation correcte du caractère de survie (souvent traité comme caractère binaire ou via des modèles de survie). À l'inverse, l'utilisation de données uniquement issues des survivants introduit un biais de sélection potentiellement important, dont l'impact sur l'estimation des valeurs génétiques et sur le progrès génétique reste à ce jour peu décrit dans la littérature. Ainsi, en l'absence de références directes sur des dispositifs reposant uniquement sur les survivants, il apparaît nécessaire de recourir à des approches par simulation afin d'évaluer les conditions de validité et les limites de cette stratégie.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Dans le cadre de sélection sur un caractère de résistance, le caractère est binaire : mort ou vivant. En travaillant sur le phénotype « survivant » uniquement, le verrou à lever est que tous les individus disponibles dans ce contexte présentent le même phénotype. Des approches ont été proposées pour lever ce verrou, consistant à remonter les performances au niveau des parents de la génération ayant subi la phase de mortalité. Deux scénarios ont été étudiés : soit N individus sont identifiés avant la phase de mortalité puis N individus après la phase de mortalité ; soit uniquement N individus après la phase de mortalité.

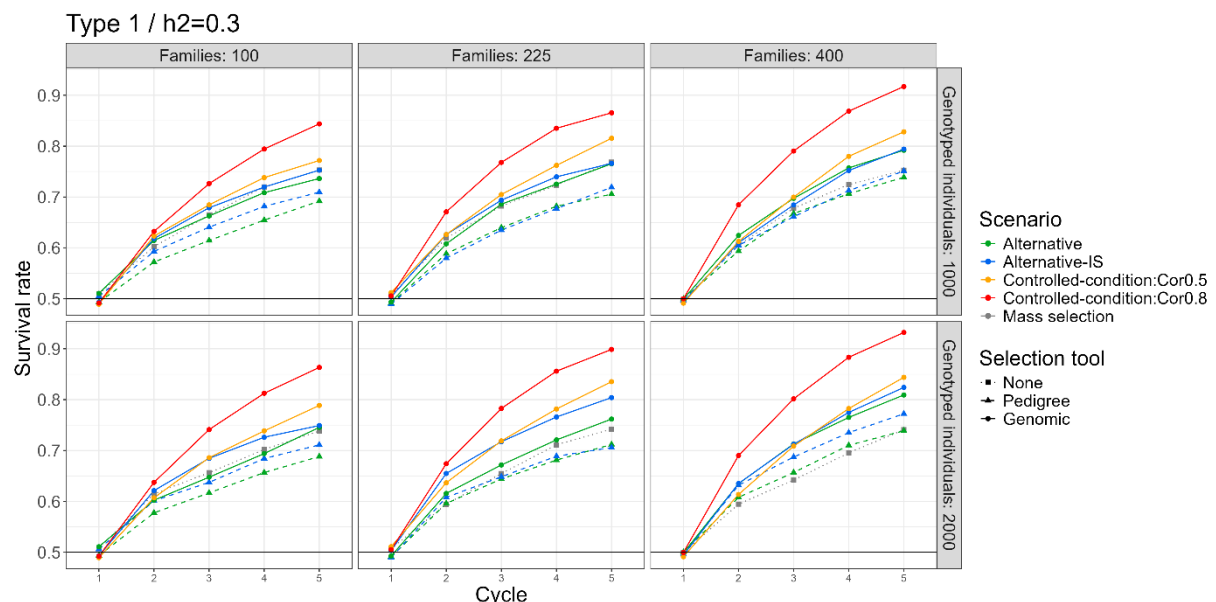
Pour le premier scénario, le phénotype des parents correspond au nombre de descendants leur appartenant parmi les survivants récupérés divisé par le nombre de descendants leur appartenant parmi les individus avant la phase de mortalité. Pour le second scénario, le phénotype des parents correspond uniquement au nombre de descendant leur appartenant parmi les survivants récupérés. Puis, pour ces deux scénarii, soit un BLUP soit un GBLUP est effectué avec les parents (et leur phénotype calculé) et les survivants récupérés (sans phénotype). Il est à noter qu'à l'issue du calcul par BLUP, les descendants d'une même famille auront tous la même valeur génétique pour le caractère indexé, mais un classement des familles sera possible, alors qu'en GBLUP le classement pourra également se faire intra-famille.

Ces simulations ont été déployées d'une part dans le contexte d'un schéma de sélection mollusque, dans lequel les candidats eux-mêmes sont exposés à la mortalité eu champ, et d'autre part dans le contexte d'un schéma de sélection piscicole, dans lequel seuls des collatéraux des candidats sont exposés à de la mortalité au champ.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

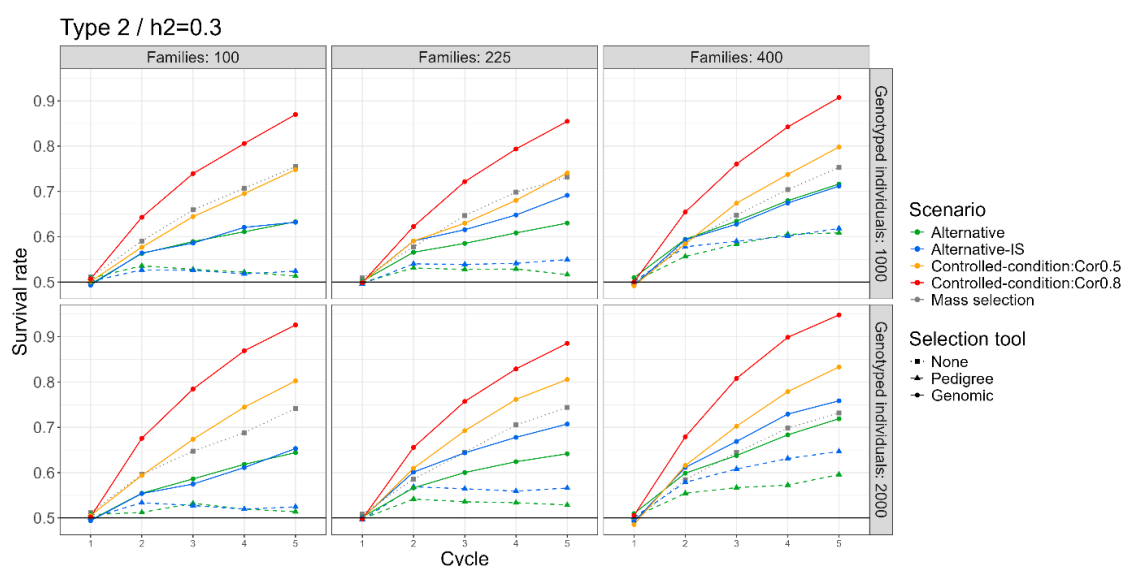
Les simulations suivantes ont été réalisées pour les mollusques et pour les poissons :

- deux scénarios en sélection génomique sur collatéraux exposés à un challenge corrélé à 0,5 ou 0,8 avec le caractère de mortalité au champ (en orange et rouge dans les graphiques suivants) ;
- un scénario alternatif (en vert) correspondant au premier scénario (phénotype des parents = N descendants vivants post-mortalité au champ / N descendants avant challenge); triangles = modèle BLUP, points = modèle GBLUP
- un scénario alternatif-IS (en bleu) correspondant au second scénario (phénotype des parents = N descendants vivants post-mortalité au champ) ; triangles = modèle BLUP, points = modèle GBLUP
- un scénario de sélection massale où les candidats sont pris aléatoirement parmi les survivants (en gris).



Cas du schéma de sélection mollusques : Evolution du taux de survie sur la période de mortalité au champ au cours des générations en fonction de la méthode de phénotypage (conditions contrôlées vs. mortalité au champ) et des outils de sélection (sélection massale, BLUP ou GBLUP), pour une héritabilité du caractère de 0,3, en faisant varier le nombre de familles et l'effectif génotypé

La figure ci-dessus montre que pour les mollusques, la sélection basée sur collatéraux challengés en conditions contrôlées est la méthode la plus efficace de sélection si la corrélation entre la mortalité au challenge et la mortalité au champ est forte (0,8). Quand la corrélation entre ces 2 caractères est plus faible (0,5), les méthodes alternatives basées sur la sélection au champ combinées à un GBLUP ont des performances presque équivalentes à celles d'un challenge sur lot dérivé. En BLUP, les résultats sont proches d'une simple sélection massale. Cependant, par rapport à une sélection massale, l'accès au pedigree permet une meilleure gestion de la population, et limite l'augmentation de l'apparentement dans la population ainsi que la consanguinité (non montré ici).



Cas du schéma de sélection poisson : Evolution du taux de survie sur la période de mortalité au champ au cours des générations en fonction de la méthode de phénotypage (conditions contrôlées vs. mortalité au champ) et des outils de sélection (sélection massale, BLUP ou GBLUP), pour une héritabilité du caractère de 0,3, en faisant varier le nombre de familles et l'effectif génotypé –

Pour le cas piscicole (figure ci-dessus), il est également observé que c'est la sélection basée sur collatéraux challengés en conditions contrôlées qui permet d'obtenir les meilleures évolutions du taux de survie. A la différence de ce qui a été observé chez les mollusques, les méthodes alternatives basées sur la survie au champ semblent peu performantes : à la différence du schéma mollusque, dans le schéma poisson la survie au champ est enregistrée sur des collatéraux et non sur les candidats, qui ne bénéficient donc pas d'une sélection massale sur ce caractère en plus de la sélection sur valeur génétique. Dans certaines configurations, le recours à des évaluations génomiques sur la survie au champ de collatéraux permet de se rapprocher des gains attendus en sélection massale.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Un challenge expérimental est coûteux, et peut ne pas être réalisable pour certaines espèces ou pathogènes : pour les mollusques, les alternatives proposées basées sur la survie au champ permettraient un gain génétique substantiel à coût réduit et évitant les contraintes d'un challenge expérimental. Plus généralement, les corrélations entre mortalité au challenge et mortalité au champ sont rarement estimées, et ces travaux illustrent l'intérêt d'avoir accès à cette information pour décider de mettre en œuvre ou non des challenges expérimentaux dans un programme de sélection.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces travaux ont été valorisés sous la forme d'un poster à l'ISGA, et une publication scientifique est en cours de rédaction.

Références bibliographiques citées :

Azéma, P., Lamy, J.-B., Boudry, P., Renault, T., Travers, M.-A., Dégremont, L., 2017. Genetic parameters of resistance to *Vibrio aestuarianus*, and OsHV-1 infections in the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*, at three different life stages. *Genet Sel Evol* 49, 23.

<https://doi.org/10.1186/s12711-017-0297-2>

3.2.2 Estimation de la variabilité génomique de la survie au 2^{ème} été et des phénotypes de conformité morphologique chez l'huitre creuse

Des mortalités estivales touchent aujourd'hui l'huitre creuse *Crassostrea gigas* à l'âge adulte, à un âge proche de la taille commerciale, impactant fortement la production ostréicole. La survie face à ces mortalités est devenue le principal caractère d'intérêt pour les entreprises de sélection de la filière. L'héritabilité de ce caractère a déjà été quantifiée sur la base de ressemblances pedigree. La présente étude a pour objectif de mesurer l'impact de l'utilisation de données génomique sur la précision d'estimation des valeurs génétiques. Certaines données ont été masquées pour respecter la confidentialité.

État de l'art :

Alors que le naissain d'huitre creuse et les juvéniles subissent des mortalités causées par l'herpès virus OsHV-1, les huitres adultes sont principalement affectées par la bactérie *Vibrio aestuarianus* (Azéma et al., 2015; Dégremont et al., 2021). L'héritabilité de la survie à l'exposition à *V. aestuarianus* estimée avec le pedigree est de 0,30 [0,15 ; 0,49] sur une population sélectionnée, conforme aux héritabilités modérées variant de 0,05 à 0,33 dans la littérature selon l'expérimentation (Dégremont et al., 2020). Les héritabilités des caractères de croissance varient entre 0,15 et 0,31, alors que les héritabilités des caractères de couleur atteignent 0,04 à 0,69 selon les populations (Jourdan et al., 2023).

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

L'huitre creuse est principalement élevée sur l'estran en milieu ouvert le long du littoral français. Elle est potentiellement soumise à de multiples facteurs environnementaux, notamment la présence de vibrioses, pouvant affecter la croissance et la survie. Bien que l'usage d'un challenge sur estran soit intégrateur de l'ensemble des conditions environnementales pour la mesure de la survie, il reste néanmoins incertain et sa reproductibilité est remise en question d'une année à l'autre.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

huitres dérivées d'une cohorte de sélection, produite par un croisement dirigé ont été marquées à 1 an avant leur remise sur parc au printemps 2024. Elles ont également été prélevées en ADN pour être génotypées sur la puce publique Axiom 57K huîtres et réassignées à leurs parents. Les mortalités ont été recensées en octobre 2024 à l'issue du 2^{ème} été passé sur l'estran, avec un taux de mortalité Les huitres survivantes ont été évaluées sur leur forme, leur taille et leur couleur de coquille.

8524 marqueurs SNPs de bonne qualité ont été retenus pour les analyses génomiques à l'issue des contrôles qualité. Les ressemblances génomiques entre individus ont été considérées pour l'estimation des variances génétiques additives.

Manhattan plot pour la GWAS pour le caractère de couleur de coquille blanche

Des zones du génome significativement associées aux caractères de survie et conformité ont été recherchées à l'aide d'analyses GWAS.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

L'utilisation des ressemblances génomiques pour l'estimation de paramètres génétiques permet de préciser l'héritabilité du caractère de survie au 2^{ème} été. Bien que l'estimation soit inférieure en considérant les données génomiques en plus du pedigree, ce caractère reste héritable. L'amélioration de la survie à *V. aestuarianus* pourra être intégrée aux objectifs de sélection de la lignée, tout en continuant à sélectionner en parallèle sur les autres caractères d'intérêt du schéma.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ces travaux ont été présentés aux responsables du programme de sélection concerné.

Références bibliographiques citées :

Azéma, P., Travers, M.-A., De Lorgeril, J., Tourbiez, D., Dégremont, L., 2015. Can selection for resistance to OsHV-1 infection modify susceptibility to *Vibrio aestuarianus* infection in *Crassostrea gigas*? First insights from experimental challenges using primary and successive exposures. *Veterinary Research* 46. <https://doi.org/10.1186/s13567-015-0282-0>

Dégremont, L., Azéma, P., Maurouard, E., Travers, M.-A., 2020. Enhancing resistance to *Vibrio aestuarianus* in *Crassostrea gigas* by selection. *Aquaculture* 735429. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.735429>

Dégremont, L., Morga, B., Maurouard, E., Travers, M.-A., 2021. Susceptibility variation to the main pathogens of *Crassostrea gigas* at the larval, spat and juvenile stages using unselected and selected oysters to OsHV-1 and/or *V. aestuarianus*. *Journal of Invertebrate Pathology* 183, 107601. <https://doi.org/10.1016/j.jip.2021.107601>

Jourdan, A., Morvezen, R., Enez, F., Haffray, P., Lange, A., Vétois, E., Allal, F., Phocas, F., Bugeon, J., Dégremont, L., Boudry, P., 2023. Potential of genomic selection for growth, meat content and colour

traits in mixed-family breeding designs for the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Aquaculture* 576, 739878. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2023.739878>

3.2.3 Investigation de l'impact des performances de production d'œufs sur la survie de la truite jusqu'à sa deuxième ponte [CASDAR]

Chez les écloseurs et sélectionneurs de truite, les génitrices sont conservées plusieurs années de suite de façon à produire les alevins qui grandiront ensuite dans les élevages pour fournir du poisson tout au long de l'année. Chaque femelle est en mesure de pondre une fois par an, et plusieurs années de suite. Les performances de production d'œufs des truites en 2^{ème} ponte sont des critères d'intérêt pour les pisciculteurs. Cependant, toutes les truites n'y parviendront pas du fait d'épisodes de mortalité souvent plus marqués les jours suivant la 1^{ère} ponte. La ponte étant un phénomène physiologiquement très intense, il se pourrait que les femelles investissant le plus d'énergie dans la reproduction soient celles qui survivent le moins à cet événement. L'objectif de cette étude est de savoir s'il existe une base de variabilité génétique sélectionnable pour une meilleure survie post-ponte, et d'estimer les corrélations génétiques avec les caractères de production d'œufs en 1^{ère} ponte.

État de l'art :

En Europe, la truite arc-en-ciel est uniquement une espèce d'élevage et ses performances de ponte sont quasiment essentiellement investiguées en 1^{ère} ponte. Mais en Amérique du Nord où cette espèce est endémique, elle est plus étudiée à travers ses pontes successives dans le cadre de dispositifs de sea ranching (puisque l'espèce possède des souches migratrices qui viennent pondre dans les rivières). Par exemple, une étude rapporte des taux de survie après la 1^{ère} ponte de 43 à 46% (Jenkins et al., 2023). Mais à notre connaissance, il n'existe pas à ce jour de jeux de données équivalents dans des élevages commerciaux, d'où le besoin d'investiguer sur ce phénotype.

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Le principal biais de l'étude réside dans l'ignorance du jour exact de la mort des individus, il n'est donc pas possible d'attribuer *stricto sensu* un phénotype de survie post-ponte. Par défaut, c'est donc un phénotype de survie en élevage sur une durée d'un an incluant la phase critique suivant la 1^{ère} ponte qui est utilisé. Cependant, le pic de mortalité observé ayant eu lieu juste après les pontes, il est possible de faire l'hypothèse que les données utilisées sont représentatives de cet événement, en dépit de mortalités résiduelles basales survenant sur les onze mois d'élevage suivant cet épisode.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

La cohorte analysée est issue d'une lignée sélectionnée de truite de Viviers de Sarrance. Elle a été créée à partir des croisements de 30 pères par 38 mères, générant ainsi potentiellement 254 familles. L'élevage mélangé de ces familles les a conduites jusqu'à leur 1^{ère} ponte à 2 ans d'âge où leurs phénotypes de production d'œufs ont été mesurés. Ces 724 femelles ainsi que leurs parents ont été génotypés à des fins d'assignation à parenté. Elles ont été suivies jusqu'à leur 2^{ème} ponte à 3 ans d'âge, date à laquelle il ne restait plus que 526 individus. Il y a donc eu de l'ordre de 27% de mortalité entre la fin de la 1^{ère} ponte et le début de la 2^{ème} ponte. En conséquence, les absentes au moment de la 2^{ème} ponte ont reçu le phénotype « morte » et les autres « survivante ». Les paramètres génétiques de la survie binaire post-ponte ont été évalués avec le logiciel TM. Les paramètres génétiques des performances continues de ponte ont été estimés grâce au logiciel VCE. Les corrélations génétiques entre survie et caractères de ponte ont été estimées avec TM en modèles bivariés.

L'héritabilité de la survie post-ponte est de $0,15 \pm 0,07$. Cela signifie que de façon limitée il existe une variabilité génétique additive qui pourrait être sélectionnée et transmise à la descendance pour améliorer ce caractère de survie à la 1^{ère} ponte de façon cumulative au fil des générations.

Les corrélations génétiques entre la survie et chacun des caractères de production d'œufs sont présentées dans le tableau ci-dessous (erreurs standard entre parenthèses) :

Poids de la femelle avant ponte	0,33 (0,09)
Poids total de la ponte	-0,56 (0,26)
Rendement gonado-somatique RGS <i>(exprimé en tant que résidus du poids de ponte par rapport au poids de la femelle avant ponte)</i>	0,74 (0,26)
Taille d'œuf	-0,71 (0,23)

Les corrélations génétiques entre survie et caractères de ponte sont contrastées : de $-0,71$ avec la taille de l'œuf suggérant que les truites qui « génétiquement » pondent les plus gros œufs auraient moins de chances de survie post-ponte, à $0,74$ avec le Rendement Gonado-Somatique (RGS) signifiant qu'à un poids donné à la ponte, les femelles ayant le meilleur potentiel génétique pour produire la plus importante masse d'œufs seraient aussi celles qui auraient une meilleure chance de survie post-ponte. A noter que phénotypiquement, ni les tests statistiques d'égalité de moyennes de Student, ni les modèles mixte linéaires généralisés ne mettent en évidence d'effet significatif sur la survie de la semaine de ponte, du poids à la ponte, du poids de la ponte, du RGS ni encore de la taille de l'œuf.

Ce type d'étude mériterait d'être conduite sur de nouvelles cohortes et lignées pour vérifier si ces résultats se confirment, et avec un suivi individuel du jour de mort afin d'obtenir un phénotype plus précis de la survie post-ponte. Un jeu de données plus important permettrait aussi potentiellement de réduire les erreurs-standard qui ici sont assez élevées.

Acquisition des connaissances, intérêt pour l'entreprise ou la filière :

Il s'agit des premiers résultats d'héritabilité post-ponte obtenus sur une lignée commerciale de truite arc-en-ciel. Ils montrent que le levier de la sélection génétique pourrait être activé conjointement aux progrès nutritionnels de l'aliment apporté aux génitrices en phase de maturation pré-ovulatoire et en phase de récupération post-ponte, ainsi qu'à l'amélioration des pratiques zootechniques, dans le but d'améliorer la survie post-ponte des animaux. Ces résultats montrent aussi l'importance de la connaissance des corrélations génétiques entre caractères d'intérêt puisque si les plus gros œufs sont mieux valorisés, ils tendraient également à réduire les chances de survie des femelles les ayant pondus. Ces nouvelles connaissances pourraient donc orienter les schémas de sélection truite, en intégrant par exemple ce caractère de survie post-ponte dans les index, et/ou en modifiant les pondérations des caractères de production d'œufs pour trouver les meilleures combinaisons qui ne compromettent pas la survie post-ponte tout en obtenant des performances intéressantes en production d'œufs.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Ce travail a été diffusé lors des Journées Techniques Interfilières du SYSAAF d'octobre 2025 ainsi qu'au séminaire Elevons-nous organisé par l'École d'ingénieur agronome de Purpan (Toulouse) en novembre 2025. Il devrait aussi faire l'objet d'un article scientifique dans un journal international avec comité de lecture.

Références bibliographiques citées :

Jenkins, L., Medeiros, L., Graham, N., Hoffman, B., Cervantes, D., Hatch, D., Nagler, J., Pierce, A., 2023. Feeding after spawning and energy balance at spawning are associated with repeat spawning interval in steelhead trout. *General and Comparative Endocrinology*, 332, 114181. <https://doi.org/10.1016/j.ygcen.2022.114181>

3.2.4 Mise en place d'évaluations sur la longévité en filière avicole [CASDAR]

Dans un contexte d'un besoin d'amélioration de la longévité en production avicole, l'objectif de ces travaux était la mise en place d'évaluations génétiques pour 3 phénotypes caractérisant la longévité des animaux.

État de l'art :

L'évaluation génétique de la longévité en espèce avicole constitue aujourd'hui un enjeu majeur pour les schémas de sélection avicole, dans un contexte d'amélioration simultanée des performances économiques, du bien-être animal et de la robustesse des animaux. Historiquement, la sélection des lignées a principalement porté sur des critères de production et de qualité. Cependant, la robustesse est aujourd'hui recherchée dans plusieurs filières afin de limiter les coûts de renouvellement des troupeaux et de réduire l'impact environnemental des systèmes de production. La longévité est un caractère complexe, influencé à la fois par des facteurs génétiques, sanitaires, comportementaux et environnementaux. Son évaluation repose généralement sur des indicateurs tels que la survie jusqu'à un âge donné ou encore la capacité des animaux à maintenir des performances élevées. Ces caractères présentent souvent une héritabilité modérée à faible (Quinton et al. 2011, Berger et al. 2025).

Aléas, incertitudes scientifiques et/ou verrous technologiques :

Compte-tenu des héritabilités faibles déjà publiées pour ce type de caractère, et du très fort déséquilibre entre les proportions d'animaux survivants / non-survivants, la principale incertitude avant la réalisation des travaux était liée au risque de non-convergence des modèles d'évaluation génétique.

Travaux de recherche réalisés en 2025, démarche expérimentale et résultats :

Trois caractères de longévité ont été transmis par le sélectionneur et remontés en base de données. Suivant le schéma de sélection des lignées, 2 ou 3 des caractères étaient disponibles par lignée. Une estimation des paramètres génétiques basée sur l'information pedigree a été réalisée pour chacune des lignées, dans des analyses bi ou tri-caractères, avec la suite de logiciel blupf90+. Les valeurs obtenues ont été comparées aux héritabilités précédemment estimées par le sélectionneur sur un jeu de données légèrement restreint. Les héritabilités obtenues étaient cohérentes par rapport à celles déjà estimées dans les lignées (de l'ordre de 0.10), et par rapport aux héritabilités faibles connues pour ce type de caractère dans la bibliographie. Ces héritabilités ont ensuite été utilisées pour une évaluation génomique incluant des candidats à la sélection dépourvus de phénotypes propres, et les valeurs génomiques estimées ont pu être valorisées pour la sélection des animaux.

Valorisation, diffusion, scientifique et technique des travaux :

Les résultats d'estimation de paramètres génétiques ont été présentés à l'adhérent commanditaire de l'analyse.

Références bibliographiques citées :

Berger, Q., Bedere, N., Lagarrigue, S., Burlot, T., Le-Roy, P., Tribout, T., Zerjal, T., 2025. Unravelling the genetic architecture of persistence in production, quality, and efficiency traits in laying hens at late production stages. <https://doi.org/10.1101/2025.02.26.640268>

Quinton, C.D., Wood, B., Miller, S., 2011. Genetic analysis of survival and fitness in turkeys with multiple-trait animal models. Poultry science 90 11, 2479–86. <https://doi.org/10.3382/ps.2011-01604>



Siège social & Adresse postale
SYSAAF - Centre INRAE - Val de Loire,
Unité Mixte de Recherche en Biologie des Oiseaux et Aviculture (UMR-BOA),
37380 Nouzilly, France.

Tél. : 00.33.2.47.42.76.43 [Dir. : 79.43]

Courriel : contact@syaaf.fr

Site internet : www.syaaf.fr

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

Avec les contributions de :

M-A Bergeot, O. Bernardi, M. Besson, A. Bestin, J. d'Ambrosio, B. Desnoues, A. Donkpegan, F. Enez, C. Ermacora, Y. François, A. Jourdan, C. Kroger, S. Le Damany, R. Morvezen, C. Pawula, M. Reverchon, R. Richer, J. Roche, R. Rouger, F. Sadeh-Zadeh & S. Thiercelin.

Crédit photo : Sturia et Caviar Perlita.