UNIVERSITE MONTPELLIER 2

Ecole Doctorale Systèmes Intégrés en Biologie, Agronomie, Géosciences, Hydrosciences, Environnement (SIBAGHE)

Utilisation de marqueurs génomiques pour la description et l'utilisation de la variabilité génétique chez les poissons d'aquaculture

Mémoire d'Habilitation à Diriger des Recherches

Marc Vandeputte

INRA UMR 1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, Jouy-en-Josas
Ifremer, Chemin de Maguelone, Palavas-les-Flots

Soutenue le **16 juin 2015** devant le jury suivant :

François Bonhomme	*Directeur de recherches*	CNRS	*Président, rapporteur*
Pascale Le Roy	*Directrice de recherches*	INRA	*Rapporteur*
Etienne Verrier	*Professeur*	AgroParisTech	*Rapporteur*
Otomar Linhart	*Professeur*	Univ. South Bohemia	*Examinateur*
Pierre Boudry	*HDR*	Ifremer	*Examinateur*
Pierrick Haffray	*Ingénieur*	Sysaaf	*Examinateur*

Table des matières

Glossaire 2
1 Introduction 3
2 Synthèse des recherches passées 5
2.1 Sous le signe du « common garden » 5
2.1.1 Traçabilité familiale et effets d'environnement 5
2.1.2 Témoin interne et « common garden » 6
2.1.3 Rendre efficace l'assignation de parenté 7
2.1.4 Optimiser les plans d'expérience 10
2.2 Enfin des paramètres génétiques précis ! 11
2.2.1 Les caractères de production 11
2.2.2 Le sexe du bar, un invité surprise 13
2.2.3 Les lions mangeront-ils de l'herbe ? 14
2.3 Comment améliorer les schémas de sélection poisson ? 15
2.3.1 Le fondement : la méthode PROSPER 15
2.3.2 Que faire de l'information généalogique ? 16
3 Projet scientifique 18
3.1 Quels sont les « bons » caractères à améliorer ? 18
3.1.1 Une approche économico-écologique pour un monde fini 18
3.1.2 Une approche par la biologie des populations 20
3.2 Le pari de l'efficience 21
3.2.1 L'efficacité alimentaire est-elle sélectionnable ? 22
3.2.2 Les rendements de découpe 23
3.2.3 La résistance aux maladies 24
3.2.4 Le sexe en pique assiette 24
3.3 Les promesses du « haut débit » 25
3.3.1 La sélection génomique chez les poissons ? 25
3.3.2 Quelle information nouvelle à un coût acceptable ? 26
3.3.3 Une méthode universelle de génotypage ? 27
4 Collaborer, financer, encadrer **28**
5 Conclusion **30**
6 Liste des publications **31**
7 Encadrement d'étudiants et tâches collectives **39**
8 Curriculum vitae **45**
9 Références **47**
10 Sélection d'articles **51**

Glossaire

ACV : Analyse du Cycle de vie
ALA : Acide alpha-linolénique
ANR : Agence nationale de la Recherche
BLUP : Best Linear Unbiased Prediction
CIPA : Comité Interprofessionnel des Produits de l'Aquaculture
Cirad : Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement
CNRS : Centre national de la Recherche Scientifique
CRITT : Centre Régional d'Innovation et de Transfert de Technologie
CSIC : Consejo Superior de Investigaciones Cientificas (Espagne)
DHA: acide docosahexaénoïque
EAS : European Aquaculture Society
ECOSYM: UMR 5119 Ecologie des systèmes Marins Côtiers
EFFAB : European Forum of Farm Animal Breeders
EGS-ABG : European Graduate school in Animal Breeding and Genetics
EPA: Acide eicosapentaénoïque
ESITPA : Ecole d'Ingénieurs en Agriculture, Val de Reuil.
FAO : Organisation des nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture
FEAP : Federation of European Aquaculture producers
FFA : Fédération Française d'Aquaculture
FOFIFA : centre National de recherche pour le Développement Rural (Madagascar)
France Agrimer, établissement national des produits de l'agriculture et de la mer.
FUI : Fonds Unique Interministériel
GABI: UMR Génétique Animale et Biologie Intégrative, INRA Jouy en Josas
GDR: groupement de recherches
GIS : Groupement d'intérêt scientifique
INRA : Institut National de la Recherche Agronomique
IRD : Institut de Recherche pour le Développement
ISEM : Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier
ITAVI : Institut technique de l'Aviculture (*en charge de la pisciculture*)
Labogena : Laboratoire d'analyses génétiques pour les espèces animales
ONG : Organisation non gouvernementale
PME : Petites et Moyennes Entreprises
PROSPER : PRocédure Optimisée de Sélection individuelle Par Épreuves Répétées
QTL : Quantitative Trait Locus
RAD-sequencing : Séquençage de marqueurs génomiques associés à des sites de restriction
SFAM : Syndicat français de l'Aquaculture Marine
SNP : Single Nucleotide Polymorphism (polymorphisme nucléotidique)
Sysaaf : Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français

1 Introduction

L'aquaculture est une activité dont le concept est très ancien. Le premier traité d'aquaculture fut écrit en Chine par Fan Li en 475 av. J.C., et l'élevage de la carpe était une activité répandue dans les monastères européens dès le Moyen-âge (Balon 1995). Une avancée majeure qui marque le début de l'aquaculture « moderne » est la découverte de la fécondation artificielle en 1841 (Coste 1853), qui a permis le contrôle complet du cycle d'élevage. Cependant, l'aquaculture restera une activité secondaire encore longtemps, puisqu'en 1950 elle ne représentait que moins de 2% des 17 millions de tonnes de poissons produits dans le monde[1]. En 1989, la production mondiale de la pêche avait presque quintuplé par rapport à 1950, et celle de l'aquaculture avait été multipliée par 25, mais ne représentait encore que 15% du poisson consommé. Depuis 1989, la production de la pêche stagne, et celle de l'aquaculture poursuit sa croissance, pour représenter maintenant près de 50% du poisson consommé. L'aquaculture telle que nous la connaissons aujourd'hui est donc en réalité une activité récente, en croissance forte et constante. Elle contribue désormais de façon essentielle à l'approvisionnement mondial en poisson, et plus généralement en protéines animales.

J'ai toujours été fasciné par la beauté et le mystère des poissons, et c'est donc tout naturellement que je me suis tourné vers l'aquaculture lors de ma spécialisation d'ingénieur agronome à l'Institut National Agronomique Paris-Grignon en 1989. Je voulais contribuer au développement de l'aquaculture, qui me paraissait un monde nouveau où beaucoup restait à faire et à découvrir, tout en travaillant avec mes animaux favoris. Il m'est apparu pour cela nécessaire d'acquérir une meilleure connaissance de la biologie des poissons, et j'ai donc suivi un DEA avec une spécialité de biologie aquacole à l'Université de Rennes en 1990. Ce fut aussi l'occasion de mon premier contact avec la recherche, à la station INRA de Rennes, sous la direction de Gérard Maisse et Pierre-Yves le Bail. J'y ai beaucoup appris sur la rigueur de l'expérimentation, et également apprécié la liberté qui m'était donnée de pouvoir proposer et tester de nouvelles approches sortant du cadre du protocole initial. Cependant, ce travail me semblait un peu vain et loin de l'application (les traitements hormonaux des œufs que j'ai mis en œuvre pendant mon stage étaient inenvisageables dans des fermes de production), et à ce moment je n'ai pas souhaité m'engager dans une thèse, cherchant une activité plus proche du développement. J'ai ensuite beaucoup appris sur les filières et leur fonctionnement au Syndicat National des Industriels de l'Alimentation animale en 1991, puis à l'unité pêches et aquaculture de la FAO à Addis Abeba en 1992 et 1993. Là aussi, j'ai néanmoins dû constater que ces métiers trop éloignés du terrain ne me convenaient guère.

En travaillant comme animateur du CRITT Protagoras à Angers de 1994 à 1996 pour développer l'élevage du silure glane en étangs, j'ai enfin pu mettre en œuvre des expérimentations de terrain, dans un cadre de soutien à une filière nouvelle. J'ai été initié à cette recherche pratique sur le terrain par Otomar Linhart, jeune chercheur tchèque en post-doc à l'université d'Angers, avec qui nous travaillions sur la reproduction et le triploïdisation du silure. Cette expérience a aussi été l'occasion d'établir des liens avec les organismes de recherche et en particulier l'INRA, avec qui j'ai fait mes premiers pas de génétique « pratique », avec d'une part des études de génétique des populations de silure, et d'autre part la comparaison des performances de différentes souches de silure. La génétique prenait une tournure nettement plus concrète, alors que jusqu'à présent je n'y avais vu que des équations complexes sans grand intérêt.

[1] Les données de production sont issues des bases de données FAO http://www.fao.org/fishery/statistics/en

C'est une des raisons qui m'a fait me présenter comme Ingénieur de Recherches à l'INRA de Jouy en Josas en 1996, sur un poste qui alliait gestion d'une pisciculture expérimentale et transfert vers la profession. La première année, j'ai suivi en parallèle un DEA de Génétique Quantitative, avec une motivation et un intérêt bien supérieurs à mon premier contact avec cette discipline à l'Agro en 1986-89, puisque je voyais enfin le sens de ces équations, et la manière de les appliquer. Par ailleurs, j'ai eu le sentiment de vraiment trouver ma place, et j'ai tout de suite été à l'aise au laboratoire de génétique des poissons, où se mêlaient la science et une vraie culture de l'expérimentation et de l'application, un cocktail qui me convenait parfaitement… Plusieurs approches de la génétique y cohabitaient, et si j'ai appris la génétique quantitative avec Bernard Chevassus et Edwige Quillet, j'ai aussi pu comprendre les bases de la génétique des populations avec René Guyomard, et celles de la génétique moléculaire et de la transgenèse avec Daniel Chourrout et Jean-Stéphane Joly. Très vite, j'ai aussi rencontré Béatrice Chatain à l'Ifremer, et voulu avec elle défricher le champ quasi-vierge de l'amélioration génétique des poissons marins. Depuis 2005, j'y travaille avec elle, étant mis à disposition pour une partie de mon temps de l'Ifremer de Palavas. En 2012, capitalisant sur ces années de recherche, j'ai obtenu un doctorat en génétique animale sur «les variations génétiques de la croissance et du sex-ratio chez le bar révélées par les pedigrees moléculaires».

Je pense qu'il est clair après cette introduction que je ne suis pas tombé dans la science quand j'étais petit, et que la recherche est plus pour moi un moyen d'obtenir un résultat qu'une fin en soi. Cette vision axée sur l'application correspond bien à mon statut d'ingénieur de recherches, et je ne vois pas la HDR comme un moyen de rejoindre la carrière « classique » Chargé/Directeur de recherches, mais bien comme une continuation de ce travail à objectif finalisé, pour pouvoir à mon tour former des jeunes à cet art qu'est l'amélioration génétique aquacole, qui réclame des connaissances scientifiques, de la rigueur, mais aussi de l'organisation et une vision un peu large du monde, et du monde économique en particulier. Les meilleurs marqueurs ou modèles du monde ne peuvent avoir aucun effet concret sur la production de poissons si l'on ne dispose pas d'un système de sélection permettant de les mettre en œuvre de façon concrète…

2 Synthèse des recherches passées

2.1 Sous le signe du « common garden »

2.1.1 Traçabilité familiale et effets d'environnement

Plus encore que l'aquaculture, l'amélioration génétique des poissons est un champ d'investigation relativement récent. Certes, les premiers essais de sélection ont vu le jour dans les années 1920-1930 chez la carpe (Drouin de Bouville 1930) et le saumon de fontaine (Embody & Hayford 1925). Cependant, le véritable essor de la sélection génétique aquacole date des années 1960-1980, avec les débuts de la sélection commerciale du saumon atlantique, en Norvège en 1972 (Gjedrem 2010), et de la carpe, en U.R.S.S. avec les travaux de Kirpichnikov, et en Israël avec ceux de Wohlfarth et Moav. Ces fondateurs de la génétique aquacole ont eu à composer avec deux problèmes communs à tous les poissons :

- les animaux sont très petits à l'éclosion, et de ce fait il est impossible de les marquer à la naissance (comme on le fait avec les animaux terrestres), ce qui rend impossible la traçabilité directe du pedigree ;
- les poissons, animaux à sang froid respirant l'oxygène dissous dans l'eau, sont très fortement influencés dans leurs performances par les caractéristiques physico-chimiques de l'eau, qui sont éminemment variables, même au cours d'une journée.

Pour ce qui est de la traçabilité du pedigree, deux options étaient possibles : la première et la plus simple était de ne pas l'utiliser, et c'est ce qui a été fait sur la carpe, mais aussi sur de nombreuses autres espèces, avec la mise en place de programmes de sélection individuelle ou « massale » à but expérimental ou commerciale, le plus généralement axés sur la croissance. Certains de ces programmes ont été efficaces (Donaldson 1968 sur la truite arc-en-ciel; Friars et al. 1990 sur le saumon atlantique) mais d'autres non (Huang & Liao 1990; Teichert-Coddington & Smitherman 1988 chez le tilapia ; Moav & Wohlfarth 1976 chez la carpe), nous y reviendrons plus loin (2.3.1, p.15). L'intérêt de cette méthode simple est d'obtenir une réponse très opérationnelle sur la capacité à sélectionner ou non pour un caractère, mais ses inconvénients sont 1) que les résultats ne sont obtenus qu'après au minimum deux générations - soit de 2 à 8 ans selon les espèces de poissons 2) qu'il faut créer et maintenir au minimum deux lignées - sélectionnée et témoin ou deux lignées divergentes 3) que l'évaluation de la variabilité génétique se limite à un caractère -celui qui est sélectionné - et 4) que la précision des héritabilités « réalisées » estimées dans des expériences de taille raisonnable est très modeste (Nicholas 1980). Du fait du second problème mentionné, la sensibilité des animaux à leur environnement, il est également difficile d'obtenir des estimations fiables de l'écart de performances entre lignées, ces estimations étant facilement entachées de biais liés à l'environnement.

La deuxième option pour tracer le pedigree était d'appliquer un élevage séparé des familles jusqu'à une taille où les animaux pouvaient être physiquement marqués. Cette option a été choisie par les norvégiens sur le saumon (Gjedrem, 2010), et aussi par des équipes américaines sur la truite arc-en-ciel (par exemple Gall & Huang 1988). L'avantage de cette méthode est de pouvoir estimer la variance génétique de tous les caractères qui peuvent être mesurés sur les individus des différentes familles produites, mais également les corrélations génétiques qui peuvent exister entre ces caractères. Cependant, l'inconvénient majeur est que la phase d'élevage séparé peut introduire entre les familles un effet d'environnement commun, exacerbé par la sensibilité des poissons à leur environnement, et susceptible de biaiser les estimations des variances génétiques. Pour estimer des variances non biaisées, il faut répliquer les familles, et donc augmenter le nombre d'unités d'élevage, qui doit déjà être élevé pour obtenir une précision suffisante. La méthode la plus « économe » est d'utiliser des

schémas de croisement hiérarchiques (2 à 3 femelles pour 1 mâle), mais elle implique en général d'avoir à disposition 100 à 300 unités d'élevage, ce qui rend ces programmes très lourds à la fois au niveau de l'investissement et du fonctionnement. Seuls des programmes bénéficiant de fonds importants (gouvernement norvégien pour le saumon, Banque Mondiale pour le programme Genetic Improvement of Farmed Tilapia – GIFT – aux Philippines) ont pu réellement mettre ces techniques en œuvre, avec pour conséquence que l'amélioration génétique aquacole n'a longtemps concerné qu'une très faible part de la production aquacole mondiale, estimée à 1% en 1993 (Olesen et al. 2003).

Au final, il aurait été beaucoup plus simple de disposer d'un moyen d'assurer la traçabilité des familles ou des lignées de poissons sans avoir besoin d'une phase d'élevage séparé de ces familles ou de ces lignées. C'est ce qui s'est passé à partir du milieu des années 1990, avec l'arrivée de l'assignation de parenté par génotypage de marqueurs microsatellites (Herbinger et al. 1995).

2.1.2 Témoin interne et « common garden »

Avant de rentrer dans les arcanes du « pedigree moléculaire », il nous faut faire un petit détour par la notion de témoin interne. En effet, toute période d'élevage séparé des familles ou de groupes génétiques dont on veut comparer les performances risque d'induire des biais dans l'estimation de la valeur génétique des groupes ou des familles. A mon arrivée à l'INRA, un des premiers projets que j'ai eu à réaliser, en 1997-1998, était la comparaison de trois souches françaises de carpe dans deux régions, la Dombes et la Brenne. Les étangs sont des milieux très variables, et contrôler la variabilité environnementale par la réplication des bassins tenait de la gageure. Wohlfarth et Moav avaient bien proposé une méthode de testage communal, en mélangeant les groupes à tester, mais elle n'échappait pas à l'élevage initial séparé, et se proposait de le corriger les effets d'environnement commun par un système complexe de régression sur des performances de lots dont l'environnement avait été manipulé, les « multiply nursed samples » (Wohlfarth & Moav 1972). Cela n'était absolument pas applicable dans une expérimentation conduite hors d'une station expérimentale, et j'ai donc choisi d'adapter la méthode du « témoin interne », où un groupe phénotypiquement distinguable du groupe testé est introduit dans tous les bassins, la performance du groupe testé étant ensuite évaluée par rapport à celle du témoin. Chez la truite, le mutant « golden » avait été utilisé dans ce but (Blanc et al. 1983). Pour la carpe, j'ai utilisé le couple de gènes d'écaillure *S/s* et *N/n* (Kirpichnikov 1981). Les souches testées étant doubles récessives *ssnn* (type miroir), il était possible de produire en utilisant les mêmes femelles un lot 100% écaillé *Ssnn*, à condition de disposer de carpes écaillées homozygotes *SSnn* (Figure 1).

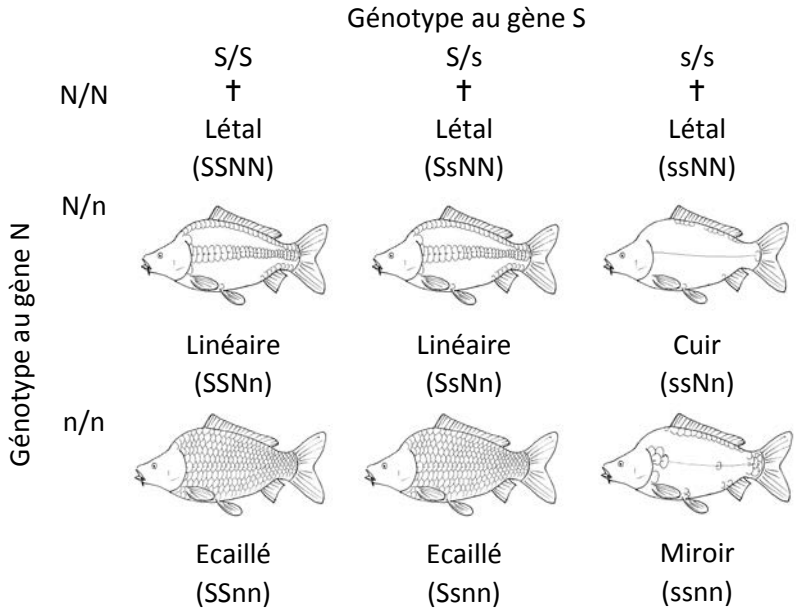

Figure 1 : Génotypes et phénotypes pour les différentes combinaisons alléliques des gènes d'écaillure de la carpe, Nu (N/n) et Scaly (S/s) – d'après Kirpichnikov, 1981.

La difficulté était de disposer de carpes réellement *SSnn*, que rien ne distingue phénotypiquement de carpes *Ssnn*. En 1997, nous avions obtenu du sperme *SSnn* à la banque de souches de carpes FAO de Szarvas en Hongrie, mais des problèmes de certificats sanitaires ne nous ont pas permis de le récupérer dans les temps, et nous avons donc utilisé une carpe écaillée disponible sur le site, en faisant le pari de son homozygotie… pari qui a été perdu, un croisement témoin conservé à part s'étant montré 50% écaillé, 50% miroir. En 1998, l'expérimentation a été répétée, et j'ai alors utilisé comme mâle pour le témoin un clone écaillé homozygote de carpe disponible à l'université de Wageningen. Cette fois, le protocole s'est bien déroulé, et nous avons pu montrer que l'utilisation du témoin interne permettait de démontrer un écart de croissance de 20% entre les souches avec une puissance de 0,8 en utilisant 3 réplicats par souche, alors qu'il en aurait fallu 24 pour obtenir la même puissance en testage séparé [**A7**][2]. Avec 4 à 6 réplicats par souche selon les stades, nous avions donc pu mettre en place un protocole de testage de terrain précis, tout en restant dans le domaine du réaliste pour ce qui est du nombre d'étangs utilisés. L'originalité de la méthode tient à l'usage d'un marqueur génétique dominant, aisément identifiable phénotypiquement, qui nous a permis de contrôler la variabilité environnementale dès l'éclosion, sans aucune phase d'élevage séparé. Accessoirement, cette expérimentation nous a aussi permis de montrer que les performances de croissance des 3 souches de carpes testées (Brenne, Dombes et Forez) étaient complètement similaires, ce qui n'était pas le résultat attendu, mais simplifiait les décisions pour les producteurs. Très récemment, j'ai de nouveau mis en œuvre ce type de protocole de testage de souches avec témoin interne à Madagascar, avec des étudiants vétérinaires d'Antananarivo [**EA5, EA6**] en 2012-2014 dans le cadre d'un projet avec l'ONG APDRA. Nous avons pu d'une part réaliser les croisements sur le terrain, et d'autre part montrer qu'avec 5 réplicats nous pouvions évaluer des écarts de l'ordre de 10% sur les performances de croissance en conditions paysannes (rizipisciculture). Là aussi, la question de disposer de carpes *SSnn* pour produire le témoin interne s'est posée, mais elle a été résolue plus simplement, par génotypage, car il a été montré récemment que la mutation *s* correspondait à un SNP dans un domaine kinase de *fgfr1a* (Rohner et al. 2009).

Cependant, on ne dispose pas chez toutes les espèces de marqueurs phénotypiques à base génétique simple pouvant être utilisés comme témoins internes, et de plus l'utilisation éventuelle d'un témoin interne pour comparer les familles et non des souches resterait lourde, car il faudrait quand même un minimum de 1 bassin par famille. L'arrivée des marqueurs microsatellites, avec leur première utilisation pratique pour l'assignation de parenté chez les poissons en 1995 (Herbinger et al. 1995), a ouvert la voie à une méthode ayant les mêmes avantages mais plus simple, puisqu'elle permettait en théorie de mélanger tous les animaux (familles, souches ou lignées) dès l'éclosion. De fait en ayant tous les groupes dans le même bassin, on pouvait en première approche quantifier et comparer leurs performances relatives sans risque de biais environnemental.

2.1.3 Rendre efficace l'assignation de parenté

Pour pouvoir profiter des nouvelles possibilités offertes par l'assignation de parenté, il fallait tout d'abord s'assurer de son efficacité, afin qu'il y ait le moins d'incertitude possible sur les pedigrees, que le processus d'assignation soit simple, rapide et transparent, et également que l'on puisse prédire à l'avance l'efficacité d'un jeu de marqueurs. Quand nous avons commencé à disposer de génotypes sur

[2] J'ai identifié mes publications par des codes entre crochets – voir liste p.31 et suivantes

des expérimentations réelles au début des années 2000, il était assez évident que les données contenaient un nombre non négligeables d'erreurs de génotypage, ce qui compliquait notablement la tâche. Par ailleurs, dans beaucoup de cas, nous utilisions des plans de croisement factoriels avec de nombreux parents mâles et femelles, et donc de nombreuses combinaisons possibles (souvent plusieurs centaines de familles). Par contre un aspect très positif de nos dispositifs par rapport aux dispositifs en populations naturelles où l'assignation de parenté a aussi été largement développée dès les années 1990 (revue dans Jones & Ardren 2003) était qu'en principe, dans un schéma aquacole bien conçu, tous les parents possibles étaient effectivement échantillonnés.

Quand j'ai obtenu mes premières données de génotypage en 2001 sur la carpe, je n'ai pas trouvé parmi les programmes d'assignation disponibles à l'époque un outil qui soit satisfaisant en termes de simplicité d'utilisation, de rapidité d'exécution et de contrôle des erreurs de génotypage. J'ai donc développé à partir de Visual basic pour Microsoft Excel un programme adapté à nos situations, permettant d'importer simplement les génotypes (qui sont généralement fournis sous forme de tableur Excel), de déclarer des plans de croisement et d'obtenir des résultats rapidement (10 à 50 descendants traités par seconde). Ce programme, Vitassign, est fondé sur le principe simple de l'exclusion (le génotype multilocus, avec un jeu de marqueurs suffisamment puissant permet d'exclure tous les couples parentaux possibles, sauf le vrai couple). Il a été utilisé pour toutes nos expérimentations utilisant l'assignation de parenté depuis la première, publiée en 2004 [**A8**]. Pour la gestion des erreurs, j'ai utilisé le principe d'autoriser un certain nombre de non-concordances (« mismatches ») entre le génotype du descendant et celui de ses parents, et évalué les taux de mismatches acceptables sans prendre de risque de fausses assignations, qui est très limité quand le jeu de marqueurs est puissant et qu'il y a donc une redondance élevée de l'information apportée par les différents marqueurs [**A12**]. Ce programme est aujourd'hui utilisé par notre groupe, mais aussi par d'autres groupes « aquacoles » comme les Universités de Stirling, de Wageningen, Ghent, Las Palmas, Vigo où il semble donner pleine satisfaction.

Pour obtenir une assignation fiable (>95% d'assignation unique et juste), le point de départ incontournable est de disposer d'un jeu de locus microsatellites présentant une puissance d'exclusion suffisante. Cependant, j'ai constaté que si les nombreux articles traitant du développement de jeux de marqueurs pour l'assignation de parenté affichaient souvent des performances théoriques flatteuses, la réalité des taux d'assignation observés était souvent moins reluisante. J'ai donc analysé 11 cas concrets issus de nos travaux, pour lesquels je disposais de l'ensemble des informations [**A32**], et où les taux effectifs d'assignation variaient de 75 à 99.4%. Un premier point important est que si les articles de mise au point de marqueurs utilisent en général la probabilité d'exclusion combinée[3] des jeux de marqueurs comme critère de qualité, la puissance d'exclusion, elle, dépend aussi évidemment de la taille du problème à résoudre, c'est-à-dire du nombre de parents potentiels (Villanueva et al. 2002). Cependant, on s'aperçoit que cette valeur théorique est encore très loin de l'efficacité réelle, puisqu'il faut en moyenne une puissance d'exclusion théorique de 99.999996% pour obtenir 99% d'exclusion réelle, et déjà 99.9989% de puissance théorique pour obtenir seulement 95% d'assignation réelle [**A32**]. J'ai identifié 4 niveaux indépendants de perte de puissance : 1) entre la puissance théorique et des simulations au niveau population (−2.8% en moyenne), 2) entre des simulations au niveau population et des simulations utilisant les vrais génotypes des parents utilisés (−2.6% en moyenne), 3) entre des simulations avec les vrais génotypes et les valeurs observées chez les

[3] On notera ici la différence entre probabilité d'exclusion, qui est une caractéristique du locus ou du jeu de locus, et qui mesure la probabilité d'exclure la compatibilité d'un couple parental non apparenté quelconque avec un descendant, et la puissance d'exclusion qui prend en compte la dimension du problème à traiter et mesure le pourcentage théorique d'animaux assignés à un couple unique (c'est-à-dire pour lequel tous les autres couples possibles ont été exclus) dans un dispositif donné.

descendants ayant des génotypes valides à tous les loci (−0.5% en moyenne) et 4) entre les valeurs observées chez les descendants ayant des génotypes à tous les loci et les valeurs observées pour l'ensemble des descendants (−2.4% en moyenne). Il est facile d'identifier la cause de la perte à l'étape 4 (un taux assez inévitable de génotypes incomplets), et la perte à l'étape 3 a peu d'impact. La perte à l'étape 2 tient à l'échantillonnage des parents, qui peuvent s'écarter des fréquences alléliques de la population, mais aussi très probablement au fait que dans les dispositifs aquacoles, les parents sont souvent apparentés du fait des tailles limitées de population et/ou de la sélection phénotypique à laquelle ils sont soumis. Elle semble donc logique, mais difficilement contrôlable. Beaucoup plus étrange est la perte à l'étape 1, entre la valeur théorique et une simulation à l'échelle de la population – et c'est de plus la perte la plus importante (2.8%). En faisant des simulations de probabilité d'exclusion pour l'esturgeon (voir plus loin), pour lequel on ne dispose pas d'équations permettant de calculer la probabilité d'exclusion à partir des équations de Jamieson (1965) du fait de son caractère polyploïde, j'ai remarqué que la puissance d'exclusion globale simulée était inférieure à celle calculée avec des valeurs de probabilité d'exclusion elles-mêmes simulées. La conclusion logique était que la formule permettant de lier probabilité d'exclusion et puissance d'exclusion était invalide.

L'erreur venait du fait que la formule utilisée (Villanueva et al. 2002) prenait en compte uniquement l'exclusion des couples non apparentés, alors que pour exclure tous les couples sauf le bon, il faut également exclure les couples qui partagent un parent avec le vrai couple, avec une probabilité d'exclusion différente, et toujours moins élevée que pour l'exclusion des couples non apparentés. En définitive, j'ai pu proposer une formule simple utilisant les deux (et non une seule) probabilités d'exclusion, et qui estime très précisément la puissance d'exclusion P_u à partir des fréquences alléliques dès lors que cette puissance est supérieure à 0.8, ce qui est le cas dans les situations pratiques [**A41**] :

$$P_u = Q_1^{N_f+N_m-2} Q_3^{(N_f-1)(N_m-1)}$$

avec Q_1 la probabilité d'exclusion combinée du jeu de locus pour un parent quand l'autre parent est connu, Q_3 la probabilité d'exclusion combinée du jeu de locus pour deux parents non apparentés au descendant (Dodds et al. 1996) et N_f et N_m les nombres de pères et de mères possibles. Ceci permet maintenant de calculer beaucoup plus précisément et simplement la puissance de jeux de marqueurs, sans recourir à la simulation, et est donc très utile pour la mise au point de jeux de marqueurs d'une puissance suffisante pour assurer un bon niveau d'assignation.

Pour finir sur ce chapitre de l'assignation, la question de l'assignation de polyploïdes est aussi d'intérêt en aquaculture, en particulier chez les esturgeons. En effet, l'esturgeon sibérien *Acipenser baeri* est une espèce octoploïde, dont le mode de ségrégation des marqueurs microsatellites est très variable, avec toutes les variantes entre la disomie et l'octosomie. Dans le cadre d'un projet (APACHE, 2009-2011), en collaboration avec le Sysaaf et Labogena, j'ai adapté le programme Vitassign (Vitassign-Octo) pour qu'il puisse utiliser un mélange de marqueurs présentant quelque type de ségrégation que ce soit entre disomique et octosomique. En utilisant Vitassign-Octo et la formule de [**A41**], nous avons déterminé un jeu de 12 marqueurs qui permet d'obtenir une puissance théorique de 99.8% dans un croisement 10x10, et une puissance effective de 93.5% dans un vrai croisement avec des génotypes réels. Ces résultats, encore non publiés, ont été présentés dans plusieurs conférences[4] et sont aujourd'hui utilisés en routine par des sélectionneurs français d'esturgeon.

---

[4] Par exemple : Vandeputte M., Chantry-Darmon C., Mahla R., Haffray P., Guyomard R., 2013. Development of an efficient parentage assignment methodology for selective breeding of the octoploid Siberian sturgeon *Acipenser baeri*. Aquaculture conference: To the Next 40 Years of Sustainable Global Aquaculture, Las Palmas, Spain, 3-7 novembre 2013 (oral).

Avant de réellement mettre les pedigrees moléculaires en application, un dernier point nécessitait une optimisation : les plans d'expérience à appliquer pour utiliser dans les meilleures conditions l'assignation de parenté par génotypage.

2.1.4 Optimiser les plans d'expérience

Contrairement à ce que certains ont pu penser, l'utilisation de l'assignation de parenté pour établir les pedigrees ne se limite pas à une alternative technique au couple élevage séparé + marquage. Nous avons un temps essuyé les sarcasmes de certains collègues norvégiens qui ne comprenaient pas pourquoi nous utilisions un « marquage génétique » coûtant 10 à 20 euros par poisson alors que le marquage physique individuel ne coûte que 1 à 2 euros par individu. Si cette façon de penser peut être justifiée quand on dispose déjà des infrastructures permettant d'élever séparément des familles – et dans ce cas le « marquage génétique » est effectivement une alternative au marquage physique, il en va tout autrement quand on ne dispose pas de ces infrastructures. Dans ce dernier cas, il faut optimiser la précision des estimations de variances et valeurs génétiques produites par le système en tenant compte des paramètres suivants :

- Le nombre total d'animaux à génotyper, qui est le principal déterminant du coût de l'expérimentation ou de la sélection
- Le nombre de parents et le plan de croisement
- Les paramètres génétiques des caractères
- La nature des caractères (continu ou discret)

La plus grande différence avec les élevages séparés tient au fait que le nombre de familles total n'est plus une limite, et que tous les plans de croisement (et en particulier les plans factoriels, très informatifs et réalisables aisément par fécondation artificielle) sont possibles. S'ajoute à cela la fécondité très élevée des poissons (de plusieurs centaines à plusieurs centaines de milliers d'œufs par femelle), qui fait que le nombre d'animaux par famille n'est presque pas limité par la biologie. Par contre, les nombres d'animaux par famille sont variables et peuvent dépendre de survies différentielles entre familles, car ils ne sont connus qu'a posteriori, et non contrôlés au moment du marquage. Nous avons conduit des simulations avec Mathilde Dupont-Nivet de l'INRA de Jouy, puis avec Hervé Chapuis du Sysaaf, qui nous ont permis de montrer qu'il était effectivement intéressant d'utiliser des dispositifs factoriels [**A4, A5**], que les dispositifs factoriels avec peu de femelles permettaient une meilleure estimation de la variabilité génétique additive [**A5**], et que la précision optimale, à taille d'échantillon donnée, était atteinte pour des effectifs de l'ordre de 15 à 20 descendants par père pour un caractère continu [**A4, A5**] et plutôt 30 à 50 pour un caractère discret[5]. Ce cadre étant fixé, nous avons mis en œuvre ces approches dans une série de projets chez la carpe, la truite et le bar essentiellement.

[5] Vandeputte, M., Chapuis, H., Dupont-Nivet, M., 2009. Optimisation of factorial mating designs to estimate genetic parameters for threshold traits in DNA-pedigreed mixed families of fish. Xth International Symposium Genetics in Aquaculture, Bangkok, 22-26 June 2009 (poster).

2.2 Enfin des paramètres génétiques précis !

2.2.1 Les caractères de production

L'estimation de paramètres génétiques de nombreux caractères de production à l'aide de pedigrees moléculaires a été conduite chez nos trois espèces d'intérêt :

- La carpe dans le cadre de projets bilatéraux avec la République tchèque (Université de Ceske Budejovice) initiés avec Otomar Linhart, les expérimentations étant suivies par Martin Kocour, étudiant en thèse, avec qui j'ai travaillé jusqu'à la publication des résultats [**A8**, **A13**, **A17**, **A20**]
- La truite arc-en-ciel, dans le cadre de projets nationaux (Qualitytruite, Prosper+, Qualitytruite2) avec le Sysaaf et ses adhérents, entreprises de sélection. Dans ces projets, les maîtres d'œuvres étaient Pierrick Haffray du Sysaaf et Mathilde Dupont-Nivet de l'INRA [**A31**,**A39**, **A40**, **A45**], ma participation se limitant à une discussion sur la conception des protocoles, à la réalisation du filetage anatomique sur des milliers de poissons et à une aide essentiellement dans l'interprétation et la discussion des résultats.
- Le bar, dans le cadre de projets européens de type CRAFT (Heritabolum, Competus) avec des PME françaises et étrangères, projets coordonnés par Béatrice Chatain de l'Ifremer. Ici, j'ai assuré la conception et le dimensionnement des expérimentations, participé à l'acquisition des données, et été maître d'œuvre de l'analyse et de la publication des données, en particulier à travers l'encadrement d'étudiants de master2 (Olivier Merdy, Jean-Denis Porte, Romain Garouste), de post-doc (Bilge Karahan) et autres (Agnès Bardon) [**A16**, **A19**, **A23**, **A24**, **A29**, **A43**, **A47**], toujours en collaboration étroite avec Mathilde Dupont-Nivet. Ceci a également été l'occasion d'une collaboration fructueuse avec un post-doc de l'université de Rome (Corrado Costa) spécialiste de la morphologie géométrique [**A30**, **A42**, **A50**]

Ces expérimentations, en premier lieu, ont fait la preuve du concept, montrant qu'il était possible d'utiliser avec succès l'assignation de parenté pour établir le pedigree de grandes populations de descendants (de 700 à 8000) marqués et suivis individuellement, et issus de plans de croisement factoriels combinant 250 à 2000 familles de pleins frères issues de 50 à 200 parents. Un point important est que, comme on pouvait s'y attendre, le fait de faire de l'identification *a posteriori* conduit à des tailles de familles déséquilibrées, mais en combinant ceci avec une maîtrise du plan de croisement par fécondation artificielle, les déséquilibres de taille restent limités (4-15 % de réduction de la taille effective de population chez la carpe, **A21**).

L'autre enseignement important de ces expérimentations est que la variabilité génétique du poids est élevée chez toutes les espèces, avec des héritabilités variant en général entre 0.30 et 0.50, soit des valeurs plutôt plus élevées que ce qui était habituellement vu avec des élevages séparés. On peut attribuer ceci en partie à la diminution de la variance environnementale en familles mélangées par rapport à celle induite par les élevages séparés. On a donc un bon potentiel de sélection pour la croissance chez les poissons, d'autant plus que la variabilité phénotypique du poids est élevée (coefficient de variation de 30 à 40% en général). Un autre élément important est que les effets maternels (liés à la taille et à la qualité des œufs chez la truite [**A6**]) peuvent être importants et persister à 6 mois post-fécondation (m^2=0,08±0,03) chez la truite [**A40**] alors qu'ils sont inexistants chez la carpe [**A8**] et le bar [**A19**]. Enfin, la variance de dominance sur la croissance a été également évaluée chez la carpe et le bar, et s'est montrée négligeable [**A8**, **A19**].

L'utilisation de l'assignation de parenté nous a également permis de séparer le lot de familles mélangées et de l'élever dans différents sites, permettant ainsi d'évaluer précisément les interactions génotype-environnement chez le bar. Elles se sont montrées faibles à modérées sur le poids

(corrélations génétiques r_A=0,70-0,99 entre sites, **A19**) mais beaucoup plus importantes sur le taux de croissance (r_A=0,21-0,78 entre sites **A29**, **A47**) qui est en définitive ce qui intéresse l'éleveur. Qui plus est, du fait de limitations techniques sur la taille au marquage (>20g), nous n'avons pu évaluer les interactions sur la totalité de la période d'élevage « normale » (3-450g), qui risquent donc d'être encore plus importantes. Cependant, nous avons récemment validé de nouvelles méthodes de marquage individuel précoce dès un poids de 500 mg [**A48**] qui devraient permettre à l'avenir d'évaluer les interactions génotype-milieu sur toute la durée du cycle.

Enfin, grâce à la combinaison de l'assignation de parenté et du marquage individuel, nous avons pu recueillir des données sur de nombreux caractères chez les animaux expérimentaux, et ainsi obtenir des paramètres génétiques pour tous ces caractères, ainsi que les corrélations phénotypiques et génétiques entre ces caractères. Ces informations, essentielles pour l'établissement de programmes de sélection et la prédiction des réponses corrélées à la sélection des caractères d'intérêt, n'étaient jusqu'à présent disponibles que sur le saumon atlantique, essentiellement en Norvège, et pour partie sur la truite arc-en-ciel aux USA et au Danemark, qui disposaient des infrastructures familiales nécessaires à l'obtention du pedigree par traçabilité physique des familles. Le Tableau 1 ci-dessous précise, pour chacune de nos espèces d'intérêt, les caractères qui ont été mesurés et pour lesquelles héritabilité et corrélations génétiques ont pu être estimées.

Tableau 1 : Liste des caractères dont l'héritabilité a été estimée chez le carpe, la truite et le bar dans nos expérimentations utilisant les pedigrees moléculaires. En italique, résultats non encore publiés

Carpe commune *Cyprinus carpio*	**Truite arc-en-ciel** *Oncorhynchus mykiss*	**Bar** *Dicentrarchus labrax*
Poids/longueur à différents âges Coefficient de condition Hauteur, épaisseur longueur de la tête *Morphologie externe (photo)* Malformations vertébrales *Nombre d'écailles* Rendements : *viscères*, carcasse, filet, filet paré pelé, *tête, gonades* %gras du muscle (Fat meter)	Poids/longueur à différents âges Coefficient de condition Morphologie externe (photo) Morphologie interne (échographie) Rendements : viscères, carcasse, carcasse sans tête, filet, filet paré pelé, tête, axe vertébral, *gonades* %gras du muscle (Fat meter)	Poids/longueur à différents âges Coefficient de condition Taux de croissance Morphologie externe (photo) *Morphologie interne (échographie)* Malformations vertébrales *Morphologie 3D externe* Rendements : *viscères*, carcasse, *carcasse sans tête,* filet, *filet paré pelé, tête, axe vertébral, gonades, foie, intestin* %gras du muscle (Fat meter) Sexe *Réponse cortisol à un stress* *Vitesse critique de nage* *Personnalité (bold/shy)*

On le voit, un très grand nombre de phénotypes ont été mesurés et associés à un pedigree, et nous avons des données sur à peu près tout ce qui peut se mesurer individuellement avec une bonne précision et sans trop de difficultés sur quelques centaines d'individus. Tout n'est pas publié, soit parce que les données sont trop récentes, soit parce que les publications fondatrices ayant été faites sur l'espèce et le dispositif expérimental le plus pertinent, cela diminue l'intérêt de la publication sur une autre espèce, même si nous constatons régulièrement l'intérêt de comparer les résultats entre espèces, et entre expérimentations sur la même espèce.

Au-delà de ce foisonnement assez « quantitatif » de données, qui a permis de bien mieux cerner les possibilités de la sélection pour les caractères de production chez les poissons, ces expérimentations ont aussi donné des résultats plus inattendus, et permis également de monter des projets répondant à des questions plus spécifiques.

2.2.2 Le sexe du bar, un invité surprise

On sait depuis longtemps que le bar a un déterminisme du sexe particulier, avec des taux de mâles atteignant les 75 à 95% en élevage, un effet des températures d'élevage larvaire sur le sex-ratio (>17°C induit des mâles, revue de Piferrer et al. 2005), des effets génétiques sur le sexe (Saillant et al. 2002) mais pas de déterminisme chromosomique simple (Blazquez et al. 1999). A partir d'une ré-analyse de données déjà publiées de sexe et de classes d'âge sur 13 échantillons de populations naturelles, j'ai pu montrer que le sex-ratio des bars juvéniles dans le milieu naturel était de 50/50, avec des variations possibles vers plus ou moins de femelles selon les années, montrant 1) que l'excès de mâles (observé en élevage) n'est pas une caractéristique intrinsèque de l'espèce et que 2) l'environnement peut avoir un effet sur le sexe du bar même en milieu naturel [**A37**]. Par ailleurs, le projet Heritabolum nous a fourni les données de sexe sur 5896 individus issus de 253 familles, montrant une variation familiale du sex-ratio significative, comparable entre demi-familles de père et de mère, et additive, excluant tout système de déterminisme purement génétique ou purement environnemental. Cette variation du sex-ratio est compatible avec un modèle polygénique, et le modèle non polygénique le plus simple nécessite au minimum 4 facteurs génétiques et une variance environnementale [**A16**]. Dans un modèle polygénique à seuil, cela correspond à une héritabilité de 0,62 pour la tendance sexuelle sous-jacente, avec de façon intéressante une corrélation génétique avec la croissance de 0,50. Ceci implique que la domestication (au sens de la sélection fréquence-dépendante involontaire liée à l'utilisation de mâles et de femelles nés en captivité de génération en génération) devrait aboutir progressivement à un rééquilibrage du sex-ratio à 50/50 en élevage, et que cette évolution vers plus de femelles devrait être encore accélérée par la sélection pour la croissance. Nous avons testé ces deux hypothèses dans le projet Competus, en comparant les descendances de pères sauvages, domestiqués et sélectionnés de première génération. Les résultats ont été conformes aux prédictions [**R4**], ce qui m'a conduit à formuler des propositions de méthodes combinant sélection et manipulations de l'environnement pour obtenir des populations de sex-ratio équilibrés voire de monosexes femelles, qui seraient *a priori* le meilleur poisson pour la production, avec une croissance plus forte et une maturité retardée [**CS5**]. Par ailleurs, en collaboration avec Bruno Guinand (ISEM Montpellier), nous avons montré l'existence d'une composante non additive sur le sex-ratio chez des hybrides inter-populationnels de bar, ce qui pourrait suggérer que les gènes impliqués dans le déterminisme du sexe soient en partie différents entre populations [**AS2**]. Enfin, dans une expérimentation sur des familles de la population Ouest-Méditerranéenne, en collaboration avec l'université de Stirling, et en particulier Christos Palaiokostas, dans le cadre de sa thèse, nous avons identifié par génotypage de SNP par RAD-sequencing trois QTLs de tendance sexuelle, ce qui confirme l'hypothèse polygénique [**AS1**]. Le bar est donc un modèle tout

à fait original pour l'étude du déterminisme du sexe, un des rares vertébrés à déterminisme polygénique avéré, ce qui pose des questions à la fois sur l'origine et le maintien de ce système de déterminisme du sexe, et sur la manière de le contrôler en production aquacole. Il est en effet très difficilement gérable en sélection et en production d'avoir des proportions imprévisibles et très variables des deux sexes.

2.2.3 Les lions mangeront-ils de l'herbe ?

Nous avons également utilisé les pedigrees moléculaires pour étudier l'interaction génotype-milieu, dans un cas bien particulier, celui de la modification de l'aliment. L'aquaculture de poissons carnivores reposait traditionnellement sur l'utilisation d'un aliment composé constitué en majorité d'huiles et farines de poissons issues de la pêche de petits poissons pélagiques. La croissance continue de l'aquaculture et la stagnation de cette pêche dite « minotière » rendent la situation intenable, et les nutritionnistes travaillent depuis une vingtaine d'années à la substitution des farines et huiles de poissons par des huiles et protéines végétales, qui est déjà largement entamée (Tacon & Metian 2008). Cependant, les performances des espèces carnivores avec des régimes très substitués par des produits végétaux sont souvent dégradées [**S8**]. Nous avons donc voulu tester l'existence d'une capacité génétique à s'adapter à ces aliments extrêmes. Cette thématique a été difficile à financer au départ, mais de premiers résultats encourageants ont été obtenus sur des dispositifs limités utilisant des clones de truite (Dupont-Nivet et al. 2009) et des familles de bar [**A34**]. En reprenant des parties des projets infructueux, j'ai assuré le montage et la coordination scientifique d'un projet FUI (VEGE-AQUA, 2,5M€, 2009-2012) avec l'INRA (Jouy en Josas et St Pée sur Nivelle), l'Ifremer (Palavas et Brest), le Sysaaf et quatre sélectionneurs de poissons, Bretagne Truite (truite), Ferme Marine du Douhet (daurade), Ecloserie Marine de Gravelines (bar) et Les Poissons du Soleil (maigre). VEGE-AQUA portait sur les possibilités d'adaptation génétique des poissons aux aliments végétaux. Le principe général était d'évaluer les corrélations génétiques entre familles des mêmes lots de poissons des différentes espèces, nourris soit avec un aliment « marin », soit avec un aliment « végétal », les familles étant mélangées et génotypées pour établir le pedigree a posteriori. Dans les structures expérimentales INRA et Ifremer, les aliments marins étaient des aliments de type « ancien », contenant essentiellement de l'huile et des farines de poissons, et les aliments végétaux étaient totalement substitués (absence totale d'huiles et farines de poissons) pour créer un contraste maximal, au risque de créer des carences graves chez les poissons, ce type de régime n'ayant presque jamais été expérimenté auparavant – et jamais sur de longues durées. Chez les sélectionneurs, l'aliment marin était un aliment commercial actuel (donc déjà partiellement substitué), et l'aliment végétal contenait seulement 2% d'huile et 2% de farine de poisson, ce qui allait déjà bien au-delà de ce qui est habituellement testé. Ce projet a servi de cadre à la thèse de Richard Le Boucher, qui a suivi les expérimentations INRA Jouy et Ifremer Palavas sur la truite et le bar, et que j'ai encadré pour l'analyse, l'interprétation et la publication des données sur le bar. Dans les deux espèces, nous avons montré l'existence de variabilité génétique de la croissance avec chacun des deux aliments, avec des corrélations génétiques plutôt élevées entre les deux, mais différentes de 1, ce qui montre un reclassement des familles selon le type d'aliment – et donc la possibilité d'une adaptation spécifique aux aliments végétaux [**A35**, **A44**]. Cette adaptation a été montrée chez la truite par sélection expérimentale [**A38**], par contre, chez le bar, nous n'avons pas pu observer de réponse à la sélection[6].

[6] Vandeputte M., Nguyen TM., Le Boucher R., Dupont-Nivet M., Vergnet A., Allamellou JM., Quillet E., Médale F., Kaushik S., Chatain B., 2013. Lack of selection response in European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) selected for fast growth on a 100% plant-based diet. Aquaculture Europe 2013, Trondheim, Norway, 9-12 August 2013 (oral).

Cependant, nous avons pu observer des effets délétères sur les performances de croissance et de survie du bar nourri avec les aliments 100% végétaux qui laissent penser que l'absence d'acides gras ω3 à chaîne longue (EPA et DHA) a entraîné des carences du fait de l'impossibilité de convertir en EPA et DHA les ω3 à chaîne courte (ALA) présents dans l'aliment végétal, et ceci malgré la présence et la transcription de gènes du métabolisme des acides gras dont la désaturase FADS2 [**A28**, **A36**]. Chez les bars du protocole « sélectionneurs », dont l'aliment contenait un minimum vital d'EPA et de DHA, nous avons pu observer une héritabilité de la croissance plus forte avec le régime végétal et une croissance nettement moins déprimée, laissant penser que dans ce cas la sélection sur aliment végétal pourrait être plus efficace[7]. Chez les sélectionneurs, nous avons par ailleurs montré un arrêt complet de la croissance à long terme avec l'aliment végétal chez la daurade, et une mortalité massive des maigres nourris à l'aliment végétal après un épisode de froid intense. S'il est donc possible de sélectionner des truites « végétariennes », les résultats sur les poissons marins sont aujourd'hui nettement plus incertains.

2.3 Comment améliorer les schémas de sélection poisson ?

2.3.1 Le fondement : la méthode PROSPER

Pour permettre de mettre en place une sélection efficace sur la croissance, et tenter d'apporter une solution aux échecs observés de la sélection massale (Huang & Liao 1990; Teichert-Coddington & Smitherman 1988 ; Moav & Wohlfarth 1976), une méthode de sélection optimisée a été développée à l'INRA par Bernard Chevassus à la fin des années 1980, sur la truite commune [**A9**]. Cette méthode PROSPER (PRocédure Optimisée de Sélection individuelle Par Épreuves Répétées) repose sur les quatre principes suivants :

- disposer d'une base génétique variable, soit par le choix d'une population de départ à variabilité génétique élevée, soit par constitution d'une population synthétique ;
- maîtriser la consanguinité, en ayant des effectifs génétiques efficaces supérieurs à 100 à chaque génération, voire en constituant deux lignées sélectionnées en parallèle, que l'on pourra recroiser pour obtenir un produit terminal non consanguin ;
- maîtriser les effets maternels, en conduisant la sélection sur de petits groupes constitués du croisement de groupes de mâles avec des femelles de tailles d'œufs comparables et ayant pondu le même jour. Ces petits groupes sont « pilotés » en croissance par des actions zootechniques (densité, rationnement) pour les faire autant que possible converger vers un poids moyen équivalent avant sélection ;
- limiter les effets des interactions sociales, en effectuant des tris réguliers, avec des seuils équivalents pour tous les groupes, et en regroupant ensuite les poissons de même taille, pour que les animaux soient le plus souvent possible en compétition avec d'autres de taille similaire. De deux à quatre tris successifs sont ainsi pratiqués. Il est attendu que ceci limite les avantages d'une position sociale dominante et donne des chances aux animaux initialement dominés.

L'application de cette méthode avec un taux de sélection moyen de 5 % a permis le doublement du poids à l'âge d'un an en 4 générations chez la truite commune [**A9**]. A la suite de cette démonstration

[7] Bestin A., Dupont-Nivet M., Médale F., Quillet E., Vandeputte M., Cariou S., Desgranges A., Laureau S., Ricoux R., Beutin C., Haffray P., 2014. Comparative additive genetic basis of high feed substitution by plant ingredients in 4 major fish species farmed in temperate and southern Europe. Aquaculture Europe 2014, October 14-18, San Sebastian, Spain (oral).

expérimentale, la méthode PROSPER a été largement diffusée par le Sysaaf en France, où elle constitue la base des programmes de sélection poisson (Haffray et al. 2004). Cependant, si elle a assuré un démarrage efficace des programmes de sélection français, cette méthode est limitée dans ses possibilités, car 1) elle ne s'applique qu'à la croissance et 2) elle ne permet pas d'augmenter le gain ou de sélectionner des caractères non mesurables sur le candidat lui-même, ce que permettent les méthodes utilisant de l'information familiale.

2.3.2 Que faire de l'information généalogique ?

Au-delà de son utilité incontestable pour obtenir des paramètres génétiques sur de nombreux caractères, l'information familiale peut en effet être utilisée dans la gestion des programmes de sélection. En particulier, connaître les relations de parenté entre candidats à la sélection permet d'estimer leurs valeurs génétiques de façon plus précise, en utilisant la méthode du BLUP (Best Linear Unbiased Prediction). Cependant, il était évident dès le départ que le coût de l'information familiale devait être maîtrisé, et qu'il était impensable de génotyper tous les candidats à la sélection, qui sont typiquement plusieurs milliers, voire dizaines de milliers aux stades précoces des programmes de sélection poisson. L'efficacité de la méthode PROSPER pour obtenir un gain de croissance ne nécessite pas d'utiliser de l'information familiale pour être améliorée, et il était clair dès le début des discussions avec les sélectionneurs qu'une méthode de sélection généalogique devrait intervenir dans le processus de sélection après la phase de sélection sur la croissance. Cependant, la théorie indique que le BLUP n'est optimal pour estimer des valeurs génétiques que si l'information familiale et les phénotypes ayant permis de faire les tris de sélection sont connus sur tous les candidats (Henderson 1975). Nous avons donc estimé par simulation stochastique en quoi le fait de pré-sélectionner sur la croissance sans inclure d'information ni phénotypique ni génétique sur les animaux éliminés dans le modèle BLUP modifiait la précision des valeurs génétiques estimées sur un autre caractère corrélé génétiquement à la croissance. Nous avons ainsi montré que pour des valeurs plausibles, la perte de précision était limitée par rapport au modèle complet[8]. De ce fait, et en particulier pour des caractères de faible héritabilité ou non mesurables sur le candidat, l'utilisation de pedigrees moléculaires en complément de la sélection individuelle pour la croissance semblait donc une option intéressante.

Une autre question importante pour la pratique de la sélection est l'influence des dispositifs factoriels, qui impliquent de petites tailles de familles de pleins frères, sur la conservation de la variabilité génétique et la capacité à estimer des valeurs génétiques fiables. Sur le premier point, toujours par simulation, nous avons montré que les dispositifs factoriels assuraient une meilleure conservation de la variabilité génétique et un gain génétique plus important que les dispositifs en couples ou hiérarchiques [**A11**]. Sur le second, la question était particulièrement prégnante pour la sélection pour la résistance aux maladies, où le critère classique d'évaluation est le pourcentage d'individus survivants par famille de pleins frères. Les familles étant très petites (et déséquilibrées) en dispositifs factoriels, on pouvait se demander si la sélection de candidats sur la base de la survie d'apparentés issus des mêmes familles mises en épreuve avec le pathogène était raisonnable. Nous avons montré que c'était bien le cas, et que la sélection pouvait être très efficace malgré la très petite taille des familles de pleins frères[9]. On peut expliquer ceci par le fait que la grande taille des familles de demi-frères permet de

[8] Dupont-Nivet, M., Haffray, P., Vandeputte, M., 2010. Effect of culling on bias of BLUP estimates – Case of fish species. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Leipzig, Germany,1-6 August 2010 (oral).

[9] Chapuis, H., Vandeputte, M., Dupont-Nivet, M., Haffray, P., Quillet, E., 2010. Selection for an improved disease resistance using factorial mating designs and molecular based pedigree in fish: a simulation study. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Leipzig, Germany,1-6 August 2010 (oral).

fait une bonne estimation de la valeur génétique des parents, et donc par retour de la valeur génétique moyenne des familles de pleins frères.

Au final, l'utilisation des pedigrees moléculaires permet une évolution progressive de programmes de sélection individuelle sur la croissance (en particulier de type PROSPER) vers des programmes multi-caractères, incluant éventuellement des caractères létaux tels que la résistance aux pathogènes ou les rendements de découpe [**S9**]. En termes de développement de la sélection, ces programmes sont particulièrement intéressants de par leur souplesse de mise en œuvre. En effet, ils ne nécessitent pas d'infrastructures lourdes (de type unités d'élevages de familles), et plusieurs niveaux de raffinement sont possibles, du simple contrôle de consanguinité à la sélection familiale incluant des critères létaux (Figure 2).

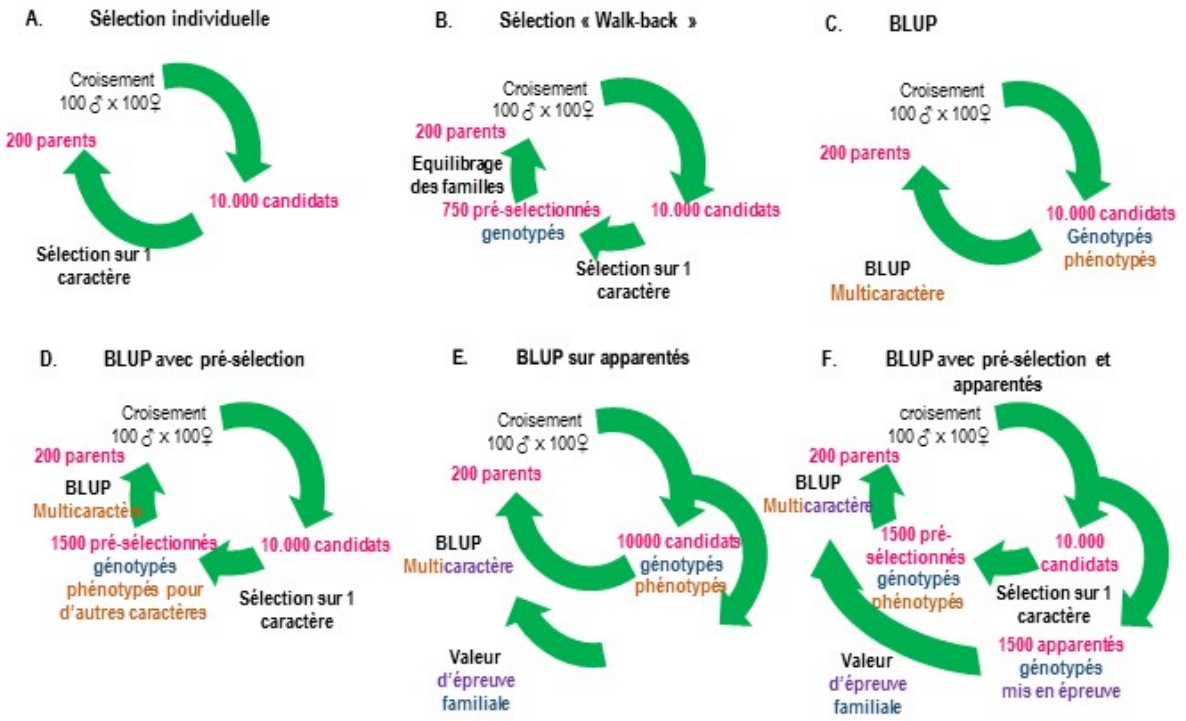

Figure 2 : Utilisation possible des pedigrees moléculaires pour évoluer de la selection individuelle au BLUP et/ou à la selection pour apparentés en selection aquacole. Les nombres sont des exemples et doivent être adaptés selon les espèces, les caractères et les programmes de selection. A. En sélection individuelle les candidats sont sélectionnés sur leur performance propre B. En sélection de type « walk-back » (Doyle & Herbinger 1995), des animaux sélectionnés sur leur performance sont génotypés, et une partie seulement est utilisée comme reproducteurs en rééquilibrant les contributions familiales C. Avec le BLUP, tous les animaux sont génotypés et phénotypés (en général pour plusieurs caractères) et sélectionnés sur la base d'un index génétique BLUP combinant information génétique et phénotypique D. Le BLUP avec pré-sélection est similaire au BLUP, mais le phénotypage multi-caractère, le génotypage et l'indexation ne sont conduits que sur un sous-échantillon de la population, pré-sélectionné pour un caractère (typiquement la croissance) E. Dans le BLUP sur apparentés, un groupe non sélectionné de frères et sœurs des candidats est soumis à une épreuve létale (résistance à un pathogène, découpe), génotypé, et leurs valeurs génétiques sont incorporées à l'évaluation des candidats F. le BLUP avec pré-sélection et apparentés combine D et E. Adapté de [**S9**].

3 Projet scientifique

3.1 Quels sont les « bons » caractères à améliorer ?

Si l'on parle d'amélioration génétique, la question du choix des caractères est très importante, et ceci pour au moins deux raisons :

- La sélection génétique a toujours un coût, et ce coût doit être justifié par les gains qui en sont attendus. Cet aspect économique des choses est particulièrement important en sélection aquacole, où les programmes de sélection sont mis en œuvre par le privé.
- La sélection étant un processus sur le long terme, il est important que les orientations soient bien réfléchies, même si le cadre de la génétique quantitative permet une évolution facile des objectifs de sélection.

Pour autant, cet aspect des choses n'est pas toujours pris en compte avec le soin nécessaire, et si le premier critère sélectionné est toujours la vitesse de croissance, il n'est pas certain que les raisons qui sous-tendent ce choix soient claires. Trygve Gjedrem, le père du programme de sélection norvégien sur le saumon, admet qu'il y a une part psychologique importante dans ce choix, car c'est un caractère qui se voit et qui permet de convaincre l'éleveur de l'efficacité de la sélection (Gjedrem 2010). Pour ce qui est de l'aspect économique des choses, on peut choisir de faire confiance aux demandeurs, c'est-à-dire aux sélectionneurs, cependant d'autres approches sont possibles en complément, pour en particulier 1) essayer d'anticiper les évolutions, pour améliorer des valeurs économiques futures, ou des valeurs autres qu'économiques 2) identifier des caractères importants sur le plan biologique, qui peuvent aider à mieux comprendre les processus en cours dans la sélection de caractères d'intérêt plus direct.

3.1.1 Une approche économico-écologique pour un monde fini

Nous avons vu en introduction que la part de l'aquaculture dans l'approvisionnement mondial en poisson n'avait fait que s'accroître au cours des 60 dernières années. Il est raisonnable de penser que cet accroissement ne peut que se poursuivre du fait de la stagnation prévisible, voire de la régression des captures de la pêche (Worm et al. 2006), et de l'augmentation prévue de la consommation mondiale de poisson (Delgado et al. 2003). D'autre part, les types de développement possibles de l'aquaculture seront contraints par le prix de l'énergie, la disponibilité limitée en farines et huiles de poissons (Naylor et al., 2000) et le besoin exprimé d'une production respectueuse de l'environnement et du bien-être animal (Olesen et al. 2003). A terme, dans l'hypothèse d'un « crash » énergétique et alimentaire (Jancovici & Grandjean 2006), il semble probable qu'une aquaculture basée sur des espèces à chaîne alimentaire courte, valorisant au mieux la productivité primaire pour une consommation locale, sera privilégiée. Cependant, on assiste aujourd'hui au mouvement inverse, avec une intensification de systèmes traditionnellement extensifs (par l'usage d'aliments composés et d'aération en étangs) pour faire face à la demande croissante (FAO 2007).

Dans un premier temps, il semble donc plus réaliste de tenter d'agir sur l'efficacité (en termes économiques, de consommation de ressources non renouvelables et d'impact sur les écosystèmes - en particulier l'émission de gaz à effet de serre) des systèmes actuels ou de systèmes proches, que de tabler sur une modification des systèmes contraire à la tendance globale (par exemple un développement de la pisciculture en étangs en Europe est peu crédible aujourd'hui). On peut noter également qu'aujourd'hui, les impacts économiques de la consommation d'énergie primaire ou de l'émission de gaz à effet de serre (GES) sont très limités au regard de leur vraie valeur sur le long terme

(Jancovici & Grandjean 2006). Cependant, un fort renchérissement de l'énergie et l'émergence d'une fiscalité « carbone-énergie », prévisibles à terme, pourraient affecter très fortement la rentabilité de certains systèmes, et doivent donc être anticipés, même sur un plan strictement économique. Comme toute production animale, l'aquaculture utilise en effet une grande quantité d'énergie primaire (souvent d'origine fossile), et l'énergie « comestible » qu'elle produit ne représente qu'une fraction limitée de l'énergie industrielle consommée dans l'ensemble du cycle de production : de 1,4 à 13% pour l'aquaculture intensive, de 13 à 100% pour l'aquaculture extensive, à comparer à une moyenne de 8% pour les pêcheries et 1,8 à 25% pour les élevages terrestres (Tyedmers & Pelletier 2007). Si ces chiffres peuvent être discutés, il est intéressant de noter que dans cette étude de 2007, le système le plus efficient de production intensive aquacole était la production intensive de truite, ce qui permet de penser qu'une amélioration de l'efficacité d'un tel système, ou de systèmes comparables, est une voie crédible (sans être la seule) pour que l'aquaculture ait une efficacité globale supérieure à celle de la pêche ou de productions animales terrestres. Dans ce cadre, l'amélioration génétique, qui fondamentalement propose une amélioration de l'efficacité marginale des systèmes, peut être un outil important.

Dans un monde idéal (du point de vue économique), un objectif de sélection est une combinaison linéaire de valeurs génétiques pour différents caractères pondérés par le gain économique marginal induit par l'amélioration de chacun des caractères. En amélioration génétique aquacole, on est loin de cet idéal, et les objectifs de sélection sont plutôt définis en termes de « gains attendus » évalués de façon empirique (Sae-Lim et al. 2012). Par ailleurs, un objectif de sélection est en général défini par la maximisation du bénéfice économique, mais d'autres objectifs sont possibles, et sans doute désirables comme la minimisation de la consommation d'énergie, de l'émission de gaz à effet de serre, du potentiel d'acidification ou d'eutrophisation ou de l'utilisation de terres arables (voir par exemple Aubin & Van der Werf 2009). Aujourd'hui, l'Analyse du Cycle de Vie (ACV - ISO 2006) est la méthode de choix pour évaluer l'impact de l'ensemble des composantes d'un système de production sur ces différentes catégories.

Suite à cette réflexion, j'ai déposé en 2011 un projet de thèse à l'école Doctorale EGS-ABG (European Graduate School in Animal Breeding and Genetics) avec Hans Komen de l'Université de Wageningen, sur le sujet « Utilisation de l'ACV pour la conception de programmes de sélection aquacole équilibrant la productivité par la durabilité environnementale ». L'étudiant en thèse que nous co-encadrons sur 2012-2016, Mathieu Besson, a un premier article sous presse montrant que les valeurs économiques de l'efficacité alimentaire et de la vitesse de croissance dans un système d'élevage de poisson-chat africain en système recirculé dépendent des facteurs limitant la production (charge en ammoniac ou densité d'élevage), et que si la valeur économique de l'efficacité alimentaire est toujours positive, celle de la croissance peut être nulle quand c'est la charge en ammoniac qui est limitante [**A53**]. Les valeurs environnementales montrent un profil relativement similaire aux valeurs économiques pour ce qui est de l'acidification, de la demande en énergie et du potentiel de changement climatique, à la différence de l'eutrophisation pour laquelle la vitesse de croissance est sans impact quel que soit le facteur limitant, alors que l'efficacité alimentaire a toujours un impact positif. Ces résultats ont déjà été présentés dans deux conférences internationales [**CS2**, **CS6**], et un article sera soumis fin 2014. Par la suite, Mathieu étudiera les impacts économiques et environnementaux des mêmes caractères dans un système d'élevage très différent, le bar en cage en mer, afin d'évaluer la sensibilité des conclusions au type de système étudié.

Sans préjuger des résultats à venir, on peut s'attendre à ce que d'autres caractères d'efficience comme la résistance aux maladies ou les rendements de découpe (qui s'ils sont améliorés permettent de produire plus de chair comestible à partir d'une même quantité de poisson produite, et donc de

ressources utilisées) soient plus profitables sur le plan économique et environnemental qu'un caractère purement quantitatif comme la croissance. Du point de vue de la nécessité de produire plus de poisson en consommant moins de ressources pour tenter de découpler production et consommation de ressources (Jackson 2009) c'est donc sur ce type de caractères qu'il semble important de faire porter l'effort.

3.1.2 Une approche par la biologie des populations

Une autre manière de voir l'amélioration génétique aquacole est de s'interroger sur les grands équilibres qui sont modifiés par le passage du milieu naturel au milieu d'élevage lors du processus de domestication. Par rapport aux animaux terrestres, ceci est particulièrement important du fait du caractère récent de la domestication des poissons (Teletchea & Fontaine 2014). Pour prendre l'exemple du bar, les populations les plus domestiquées à l'heure actuelle sont au maximum à 6 générations de l'état sauvage. Les différences fondamentales entre milieu d'élevage et milieu naturel sont la température, la permanence d'une alimentation composée, le besoin ou non de se prémunir contre les prédateurs et la manière, naturelle ou induite, de se reproduire (Gross 1998). Pour ce qui est de la température, il est déjà clair que c'est un des principaux facteurs qui induisent des sex-ratios biaisés chez les bars d'élevage, du fait de températures en élevage larvaire plus élevées en écloserie que dans le milieu naturel, pour forcer la productivité précoce (Navarro-Martin et al. 2009). La température dans les phases ultérieures de développement pourrait avoir un impact dans le cadre du réchauffement climatique, mais relativement peu en termes de différence élevage/sauvage du fait que le grossissement de bar se fait essentiellement en cages en mer, sans régulation de la température par rapport à celle du milieu naturel. La capacité à pouvoir échapper aux prédateurs, difficile à étudier en tant que telle, serait fortement liée à la personnalité réactive ou proactive des animaux (Réale et al. 2007; Sih et al. 2012). Nous avons initié des collaborations depuis plusieurs années avec l'Ifremer de La Rochelle, afin de mettre en place des méthodes de phénotypage « haut débit » de cette personnalité. Ceci a abouti en 2014 au stage de Master II de Khaled Horri sur l'étude de la variabilité génétique de la personnalité chez le bar, montrant la faisabilité de ce type d'approches, qui devront être complétées à l'avenir par des études allant plus loin que l'étude de la corrélation avec la simple croissance.

Le point essentiel que nous devons encore étudier est celui de la permanence de l'alimentation. C'est effectivement une différence fondamentale entre élevage et milieu naturel, où les poissons prédateurs sont équipés pour résister à une alternance de festins et de famine (Armstrong & Schindler 2011). A l'inverse, en élevage, ils reçoivent tous les jours une alimentation abondante. Dans le milieu naturel, le fait d'avoir ou non accès à la nourriture peut par ailleurs dépendre fortement de la personnalité (Quinn et al. 2012). Ceci peut être intégré dans une hypothèse générale de « Pace of Life Syndrome », où l'on oppose des animaux « rapides » et « lents » (Ricklefs & Wikelski 2002; Réale et al. 2010). Il semble très probable que la distribution des animaux dans ces types comportementaux et physiologiques puisse avoir des conséquences importantes en termes d'adaptation à l'élevage. Par ailleurs, il est déjà démontré que l'alimentation précoce peut participer à la construction de phénotypes nutritionnels particuliers chez les poissons, probablement au travers de mécanismes épigénétiques, comme cela a été démontré pour l'adaptation aux aliments végétaux chez le truite (Geurden et al. 2013). Pour aborder ces questions, nous sommes en cours de montage d'un projet ANR avec en particulier Bruno Guinand de l'Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier, David McKenzie de l'UMR ECOSYM et Bruno Ernande d'Ifremer. Nous espérons, en manipulant la disponibilité de nourriture lors de l'élevage larvaire, induire des architectures génétiques différentes

des liens croissance/personnalité/adaptation au jeûne qui pourraient nous permettre d'avoir un cadre théorique plus large pour l'interprétation de nos données, en particulier pour notre recherche de caractères liés à l'efficacité alimentaire.

3.2 Le pari de l'efficience

Pour revenir à des aspects plus finalisés, et devant la nécessité de continuer d'avancer vers une aquaculture plus durable, il me semble clair que les caractères sur lesquels nous nous devons d'avancer sont ceux qui permettent d'améliorer l'efficience du système. Compte tenu de la difficulté de concilier augmentation de la production et réduction des impacts (et des ressources utilisées), il nous faut faire feu de tout bois dans cette direction. En effet, le découplage production / utilisation de ressources prôné par Tim Jackson (2009) ou Jorgen Randers (2012) est un objectif difficile à, le fameux « Facteur 4 » (produire deux fois plus avec deux fois moins de ressources) étant sans doute inatteignable. Pour autant, pour y contribuer significativement par la génétique, il est nécessaire de combiner toutes les sources d'améliorations possibles. Si l'on considère l'aquaculture comme un moyen de produire de la chair de poisson à partir d'un aliment composé, les facteurs sur lesquels il est possible d'agir par la génétique sont résumés dans le Tableau 2

Tableau 2 : Rendements de transformation, mortalité et efficacité alimentaire pour un poisson de type bar dans un schéma actuel et un schéma optimisé. Schéma actuel : chiffres moyens correspondant au bar pour le rendement de filet (données Hertitabolum) et l'efficacité alimentaire (Myrseth, 2014, EAS) et aux chiffres d'équarrissage CIPA[10] 2008-2011 pour les pertes en biomasse par la mortalité. Schéma optimisé : rendement de filet et efficacité alimentaire du saumon (Myrseth, 2014, EAS), réduction de 80% des mortalités par sélection.

	filet de poisson	poisson entier récolté	poisson produit hors mortalités	aliment consommé
Rendement actuel		39%	94%	50%
Masse (kg) pour 100 kg de filet actuel	100	259	276	551
Rendement optimisé		63%	99%	87%
Masse (kg) pour 100 kg de filet optimisé	100	159	161	185

On constate que si aujourd'hui, il faut plus de 500 kg d'aliment pour produire 100 kg de filet de bar, il pourrait être possible, dans un système optimisé avec des performances proches de celles du saumon, de produire la même quantité de filet avec moins de 200 kg d'aliment. Si ces hypothèses sont sans doute optimistes (peut-on transformer un bar en saumon ?), et si le gain, de manière évidente, ne se fera pas uniquement par la génétique, cela montre néanmoins les points sur lesquels il est utile d'agir, à savoir l'efficacité alimentaire, les rendements de découpe et la résistance aux maladies.

[10] Comité Interprofessionnel des Produits de l'Aquaculture

3.2.1 L'efficacité alimentaire est-elle sélectionnable ?

L'efficacité alimentaire est depuis longtemps identifiée comme une cible importante pour l'amélioration génétique aquacole (Kinghorn 1983), mais son amélioration directe bute sur un point technique : l'efficacité alimentaire est le rapport de la croissance sur l'aliment consommé, et il n'est aujourd'hui pas possible de mesurer précisément l'ingéré individuel chez les poissons. Il y a quelques années, certains avaient proposé de mesurer l'ingéré individuel de poissons maintenu en groupes en les nourrissant avec un aliment marqué, de manière à pourvoir quantifier par radiographie à la suite du repas la quantité d'aliment ingérée par chaque poisson d'un groupe (Kause et al. 2006). En ce qui nous concerne, en cherchant des indicateurs indirects faciles à mesurer, nous avions fait l'hypothèse que la perte de poids pendant le jeûne et la vitesse de croissance compensatrice en fin de jeûne pouvaient être des indicateurs du besoin de base et de l'efficacité métabolique individuelle d'un poisson. Ceci a été à la base de la thèse de Laure Grima de 2006 à 2010, que j'ai co-encadrée avec Béatrice Chatain pour ce qui est des expérimentations sur le bar. Nous avons montré que la perte de poids au jeûne et le gain en réalimentation étaient héritables [**A26**], et que la perte de poids au jeûne était significativement corrélée avec l'efficacité alimentaire [**A25**], les animaux tolérants au jeûne étant plus efficaces, et montrant également une digestion plus lente [**A27**]. Par contre, la méthode d'estimation de l'ingéré par radiographie n'a pas été efficace chez le bar, les animaux apprenant manifestement à reconnaître l'aliment marqué, et refusant de plus en plus de l'ingérer au fur et à mesure des répétitions du protocole. A la suite de ces résultats, nous avons lancé une sélection expérimentale divergente pour et contre la tolérance au jeûne, et les poissons de première génération de sélection ont servi de matériel pour le projet ANR Régulbass avec l'ISEM (Bruno Guinand) et l'UMR Ecosym (David McKenzie) et pour le stage de master 2 de Sophie Daulé, que j'ai encadrée en 2011. Sophie a pu montrer que la tolérance au jeûne répondait bien à la sélection, mais que l'écart entre lignées généré en une génération était insuffisant pour observer une différence significative d'efficacité alimentaire [**A46**], et David McKenzie a pu montrer que la différence de perte de poids au jeûne était liée à une utilisation plus forte de protéines comme source d'énergie chez les animaux peu tolérants au jeûne [**A51**].

Une autre manière de qualifier des poissons pour leur efficacité alimentaire individuelle est de les élever en aquarium individuel, en évaluant leur ingéré individuel. Cette méthode, appliquée chez la truite arc-en-ciel, a permis de montrer une variabilité génétique de l'efficacité alimentaire, qui serait par ailleurs bien corrélée à l'efficacité de groupe des mêmes familles (Silverstein 2006). Cependant, cette méthode est extrêmement lourde à mettre en œuvre, car il faut adapter manuellement la ration quotidienne de chaque poisson, et de fait, dans l'expérimentation mentionnée ci-dessus, Silverstein n'a travaillé que sur 55 individus (5 individus par famille, issus de 11 familles). Une expérimentation récente sur le lapin montre que la croissance sur alimentation restreinte à 80% de l'*ad libitum* est un excellent prédicteur, simple à mesurer, de l'efficacité alimentaire (Drouilhet et al. 2013). Un avantage de l'alimentation restreinte est que chaque animal mange chaque jour la totalité de la ration prévue, ce qui réduit très fortement la charge de travail. Nous nous proposons de mettre en œuvre ce critère sur de jeunes bars élevés individuellement dans une batterie de 100 à 200 aquariums, en passant deux séries d'animaux pour arriver au minimum à 200-400 animaux phénotypés. Ce concept a été proposé dans un projet au Ministère de l'Agriculture (CRECHE[2015]), un projet ANR (FESTIN), un projet infrastructures européen (EMBRIC), et est en cours pour un projet ARPE (Région Languedoc). Nous avons déjà sécurisé le financement des 100 premiers aquariums, et sommes dans l'attente des résultats des autres projets pour financer des installations complémentaires, ainsi que des CDD ingénieur et postdoc et des analyses génomiques (recherche de QTLs d'efficacité alimentaire par RAD-sequencing).

En parallèle de cela, nous allons dans le cadre du projet européen FISHBOOST (2014-2018) étudier une seconde génération de réponse à la sélection divergente pour la tolérance au jeûne, et comparer également les animaux des lignées divergentes avec des descendants de sauvages et de poissons sélectionnés pour la croissance. En effet, si l'on a pu voir plus haut que la croissance avait, au moins dans certains systèmes d'élevages et conditions, peu d'intérêt en tant que telle, il a été montré chez le saumon (Thodesen et al. 1999) et la truite arc-en-ciel (Kause et al. 2006) que la sélection pour la croissance devrait avoir pour réponse corrélée une amélioration de l'efficacité alimentaire, cependant que chez la truite commune, aucune réponse corrélée sur l'efficacité alimentaire n'a été observée (Mambrini et al. 2004). Il est donc essentiel d'évaluer cette corrélation chez le bar, et en fonction des résultats et de ceux obtenus par sélection directe (le projet précédent en aquariums individuels) ou indirecte (la réponse corrélée à la tolérance au jeûne), de voir quel critère ou combinaison de critères est à même de donner une réponse sur l'efficacité alimentaire. S'il s'avérait que la sélection sur la croissance donne une bonne réponse corrélée sur l'efficacité alimentaire, ce pourrait être une bonne raison de continuer à sélectionner sur ce critère facile à améliorer, non pour l'effet sur le croissance en tant que telle, mais bien pour son effet induit sur l'efficacité alimentaire.

3.2.2 Les rendements de découpe

Les rendements de découpe sont depuis longtemps identifiés par les producteurs de truite et de saumon comme un objectif de sélection important, car pour un producteur qui intègre la transformation, tout gain de rendement représente un bénéfice net. Nous avons aussi vu Tableau 2 que le rendement de filetage est aussi potentiellement un caractère majeur pour améliorer l'efficience globale de la production. Nous avons donc depuis plusieurs années mesuré des paramètres génétiques du rendement de filet chez la truite [**A39**, **A45**] et le bar [**A47**]. Cependant, de par sa nature, le rendement de filet est un caractère difficile à traiter sur le plan statistique, car il s'agit d'un ratio entre deux poids (poids du filet et poids vif) mesurés sur le même animal. Dès 1897, Karl Pearson avait remarqué que ce type de mesures pouvait montrer des corrélations artificielles, sans aucune réalité biologique sous-jacente, avec d'autres caractères liés au numérateur ou au dénominateur du ratio (Pearson 1897). Pour ce qui est des héritabilités et corrélations génétiques, cela a été également démontré (Sutherland 1965), et donc les études utilisant de tels caractères sont généralement sujettes à caution. Souvent, la difficulté est contournée en affirmant par exemple que l'important est d'améliorer la quantité de filet et non le pourcentage (voir par exemple Rutten et al. 2005). Cependant, ce qui est intéressant du point de vue de l'efficience écologique et économique est bien d'améliorer le ratio, non le numérateur. Un article paru récemment proposait d'utiliser les résidus d'une régression d'allométrie (régression log-log) comme critère de sélection pour améliorer ce type de caractères, et démontrait son efficacité pour sélectionner la surface relative de la queue chez le guppy (Egset et al. 2012). Par ailleurs, une méthode plus générale utilisant des allométries multiples a également été proposée récemment (Gao et al. 2013). Toujours dans le cadre du programme FISHBOOST (2014-2018), nous allons donc d'une part travailler sur une méthodologie adaptée de modélisation des rendements, qui sera testée par simulation dans le cadre d'un master II en 2015, et d'autre part sur sa mise en œuvre dans un programme de sélection expérimentale, en collaboration avec le Sysaaf et Bretagne Truite, chez la truite arc-en-ciel, où nous allons comparer différentes approches : sélection sur le résidu de l'allométrie, sur des caractères indirects mis au point précédemment [**A45**] ou directement sur le rendement de frères et sœurs abattus. La réponse à la sélection sera mesurée à la génération suivante, sur les différents critères, le critère d'intérêt principal pour la réponse restant évidemment le rendement de filet.

3.2.3 La résistance aux maladies

Le dernier levier important d'efficience est la résistance aux maladies, car un animal qui meurt avant d'être commercialisé a consommé des ressources inutilement. Par ailleurs, le fait d'avoir des populations résistantes ou tolérantes à des maladies est également très important au plan sanitaire et bien-être animal. Pour ce qui est du bar, la pathologie qui est aujourd'hui la plus problématique est la nodavirose, qui sévit essentiellement en eau chaude et contraint fortement le développement à l'est et au sud de la Méditerranée. Dans le cadre du projet FUI RE-SIST (2013-2017), nous allons étudier la résistance au nodavirus sous l'angle de la génétique quantitative, en évaluant la variabilité de la résistance au niveau inter-populationnel sur des croisements comprenant des populations Atlantique et Méditerranéennes, et au niveau famille intra-lignée. Nous allons également, avec François Allal, génomicien recruté en 2013 à l'Ifremer de Palavas, rechercher des QTLs de résistance dans ces mêmes familles, en générant des SNPs par la méthode du RAD-sequencing (Baird et al. 2008). Pour importante qu'elle soit, cette approche ne sera probablement pas poursuivie à l'avenir, du fait du départ à la retraite du pathologiste poisson de l'Ifremer, dont le remplacement n'est pas aujourd'hui prévu.

3.2.4 Le sexe en pique assiette

Chez le bar, la compréhension et la maîtrise du sexe restent un objectif essentiel, pour pouvoir simplement mettre en œuvre des programmes de sélection rationnels. En plus de cela, il est connu que la maturation (en particulier la maturation précoce des mâles), comme chez beaucoup d'espèces, perturbe la croissance et fait baisser l'efficacité alimentaire. Enfin, chez d'autres espèces, une voie claire d'amélioration des rendements de découpe a été l'utilisation d'animaux triploïdes stériles (Breton et al. 1996). Chez le bar, ceci nécessiterait de pouvoir produire des populations femelles triploïdes (Peruzzi et al. 2004). De plus, le sexe polygénique du bar est, nous l'avons vu, un modèle très original de déterminisme du sexe dont l'étude se justifie pour elle-même. Si, par manque de temps et de partenaires (il est très difficile d'intercéder au niveau de l'Europe par exemple pour suggérer d'ouvrir un appel d'offres sur une question qui intéresse une seule espèce), je n'ai pu pour l'instant construire de projet de recherches spécifiquement orienté sur le sexe, certaines opportunités permettent de financer des recherches d'ampleur limitée sur le sujet :

- Dans le cadre du projet européen d'Infrastructures AQUAEXCEL, j'ai initié le montage d'un projet d'accès transnational avec Francesc Piferrer (CSIC, Espagne) pour étudier les effets conjoints de l'origine familiale (4 familles) et de la température précoce (2 températures) sur la méthylation du promoteur de l'aromatase *cyp19a*, qui a été montrée comme étant un mécanisme essentiel de l'effet de la température précoce sur le sex-ratio (Navarro-Martin et al. 2011)
- Nous avons récemment enregistré le sexe de plus de 1000 bars survivants de l'épreuve nodavirus du programme RE-SIST mentionné ci-dessus. Ces animaux, issus de croisements impliquant quatre populations naturelles, seront d'une part identifiés à leur famille d'origine par génotypage de locus microsatellites, et leurs génotypes pour quelques milliers de SNP générés par RAD-sequencing pour la recherche de QTLs de résistance aux maladies seront disponibles. Ils représenteront donc un matériel précieux pour tester l'hypothèse selon laquelle les principaux QTLs de détermination du sexe chez le bar sont différents d'une population à l'autre.

3.3 Les promesses du « haut débit »

Mon arrivée dans la recherche a été marquée par la disponibilité des marqueurs microsatellites, que nous avons pu utiliser avec succès pour l'assignation de parenté, à la fois en recherche et en transfert à la profession. Aujourd'hui, les technologies de séquençage de nouvelle génération offrent de nouvelles possibilités, pour disposer de nombres beaucoup plus importants de marqueurs (de type SNP) pour un coût raisonnable. Il est indispensable de voir comment utiliser ces nouvelles possibilités pour aller plus loin dans la description et l'exploitation de la variabilité génétique chez les poissons.

3.3.1 La sélection génomique chez les poissons ?

La sélection génomique, au sens initial de Meuwissen (Meuwissen et al. 2001) est une méthode utilisant l'estimation d'effets de marqueurs très nombreux sur le phénotype d'intérêt pour prédire une valeur génotypique des individus sans avoir besoin de connaître ni leur pedigree ni leur phénotype. Les équations de prédiction sont établies sur une population de référence qui est à la fois phénotypée et génotypée, et des animaux apparentés à la population de référence peuvent ensuite être évalués avec une bonne précision pour leur valeur génotypique sur la seule base de l'information apportée par les marqueurs. A la différence de la sélection assistée par marqueurs (SAM), qui vise à augmenter la fréquence d'allèles de QTLs favorables dans la population, elle ne repose pas sur l'identification précise de marqueurs proches des gènes d'intérêt. Comme la génétique quantitative classique, il s'agit d'une méthode de type « boîte noire », où l'inférence sur la valeur génétique ne se base plus sur une matrice de parenté issue du pedigree, mais sur une matrice de génotypes. Cette méthode a révolutionné la sélection chez les bovins laitiers, avec la promesse de gains doublés, d'une plus faible consanguinité et d'un coût plus faible que le système précédent de testage sur descendance des taureaux (Hayes et al. 2011; Lillehammer et al. 2011).

Cependant, tous les animaux ne sont pas des bovins laitiers. Le succès de cette méthode chez les bovins laitiers tient à plusieurs éléments importants :

- Elle procure une bonne précision d'évaluation, du fait de la construction de grandes populations de référence internationales et de la disponibilité de puces de SNP très denses
- Elle est considérablement moins chère que l'évaluation traditionnelle sur descendance, dont le coût par taureau était de l'ordre de 50 000 €
- La valeur de marché d'un taureau sélectionné est très élevée
- Elle permet de réduire l'intervalle de génération en évaluant un taureau dès la naissance, bien avant que ses filles ne produisent du lait
- Elle peut permettre une sélection précise sur les vaches, et non seulement sur les taureaux, et donc augmenter l'intensité de sélection globale

Pour les poissons, qui sont sélectionnés par des firmes privées, dans des populations fermées, dont le coût unitaire des géniteurs et de l'évaluation est faible, avec des animaux évalués avant la maturité sexuelle et en général chez les deux sexes, on voit que les bénéfices vont devoir être cherchés ailleurs.

3.3.2 Quelle information nouvelle à un coût acceptable ?

Je vois deux manières de répondre à la question de l'apport possible des technologies de séquençage à haut débit. La première est de considérer que ces techniques peuvent nous apporter des informations utiles pour la connaissance de la variabilité génétique et l'optimisation de programmes de sélection, même si elles ne sont pas ensuite mises en œuvre en routine dans les programmes de sélection. Quand j'ai travaillé sur la génétique de la carpe en République Tchèque, il était clair dès le départ qu'une sélection familiale utilisant le marquage individuel et des pedigrees moléculaires n'était pas adaptée pour construire un programme de sélection local, car beaucoup trop chère. Pour autant, nous avons pu montrer que la carpe pouvait répondre à une sélection individuelle sur la croissance [**A20**] et que le rendement de filet pourrait être amélioré par une sélection individuelle sur la longueur relative de la tête [**A17**]. Pour aboutir à ces deux conclusions, l'utilisation de pedigrees moléculaires a été indispensable, mais elles peuvent par contre être mises en œuvre très simplement par sélection phénotypique individuelle, et donc pour un coût modique. De la même manière, on peut penser que les nouvelles technologies de séquençage pourraient permettre, par exemple, d'identifier des gènes majeurs de résistance aux maladies qui pourraient être introgressés rapidement, sans gros moyens, en quelques générations dans une population. De la même façon, elles pourraient permettre d'identifier des gènes majeurs récessifs gouvernant l'apparence des poissons, comme le gène de l'albinisme ou d'autres types de colorations. Ce type de gènes pourrait être à terme un outil important de protection du progrès génétique, protection qui n'existe pas à ce jour de façon efficace chez les poissons. Pour des caractères très délicats à mesurer comme l'efficacité alimentaire, on peut aussi se demander si l'information génomique ne pourrait pas être un moyen de classer un grand nombre d'individus, sur la base de données accumulées année après année sur un nombre limité d'animaux phénotypés individuellement.

Une autre approche, partant des programmes de sélection, qui pour certains d'entre eux utilisent dès à présent le génotypage de candidats voire de collatéraux (Figure 2), est de se demander en quoi les nouvelles technologies de séquençage pourraient, pour un coût comparable à un génotypage « classique » de microsatellites (de l'ordre de 10-15 euros), procurer une quantité supérieure d'information qui pourrait améliorer la précision d'estimation des valeurs génétiques. En la matière, une voie potentiellement prometteuse est la sélection génomique intrafamiliale, qui avec des nombres de marqueurs limités (3 à 25 marqueurs par Morgan, soit 85 à 700 marqueurs au total dans le cas du bar, d'après [**AS1**]) permettrait d'améliorer sensiblement la précision d'une sélection classique de type BLUP en prédisant la valeur génétique des candidats à l'intérieur d'une famille de pleins frères (Lillehammer et al. 2013). Or, il est raisonnable de penser que des panels de SNP pour l'assignation de parenté chez les poissons nécessiteraient de l'ordre de 100 à 450 marqueurs [**S9**], ce qui est clairement du même ordre de grandeur. Donc, le simple remplacement des microsatellites par les SNP pour l'assignation de parenté pourrait permettre de disposer en complément d'informations nouvelles permettant d'améliorer la précision des valeurs génétiques estimées.

Si je n'ai pour l'instant pas de projets financés permettant d'étudier les programmes de sélection optimaux utilisant ce type de méthodologie, nous allons par contre acquérir des données de génotypage moyenne densité par RAD-sequencing (de l'ordre de 5000 SNP par individu) sur 1500 individus du projet RE-SIST qui seront phénotypés pour croissance, résistance au nodavirus et sexe à Ifremer. En parallèle, dans le projet FISHBOOST, nous aurons aussi accès aux performances de résistance au Nodavirus et génotypes SNPs de 1500 bars du sélectionneur français Ferme Marine du Douhet, et nous allons également acquérir génotypes SNPs et performances individuelles d'efficacité alimentaire et de croissance dans le cadre du projet EMBRIC. Dans un premier temps, ceci devrait être suffisant pour tester empiriquement par ré-échantillonnage l'efficacité potentielle de stratégies de

sélection génomique intra-familiale pour ces caractères chez le bar, et évaluer le déséquilibre de liaison qui est un paramètre essentiel pour estimer la précision de la sélection génomique (Goddard et al. 2011). Une fois ces premières données concrètes obtenues, il sera possible de décider des orientations ultérieures.

3.3.3 Une méthode universelle de génotypage ?

En complément, il pourrait être intéressant de redéfinir les approches de génotypage pour l'assignation de parenté et/ou la sélection génomique intrafamiliale. Actuellement, la technique de choix reste le génotypage de microsatellites, et il est vrai qu'un panel bien optimisé de 10 à 15 marqueurs microsatellites permet généralement d'obtenir de très bons taux d'assignation dans des situations classiques de sélection aquacole, avec une bonne reproductibilité entre populations. Pour les SNPs, la tendance actuelle de développement de panels va dans le même sens, en tentant de définir des panels comprenant suffisamment de SNPs bien polymorphes de haute qualité. Cependant, le passage d'une population à une autre peut se révéler difficile, comme le montre l'exemple d'une puce de 15.000 SNPs développée en Norvège, dont 49% étaient monomorphes, donc inutiles, dans une population d'élevage néo-zélandaise (Dominik et al. 2010).

Une alternative intéressante pourrait être de développer un système générique permettant d'identifier et génotyper les quelques centaines de SNP nécessaires pour l'assignation de parenté ou la sélection génomique intrafamiliale en une seule opération, et ce pour un panel d'espèces le plus large possible. Un tel système permettrait de bénéficier des gains de productivité réalisés sur les technologies NGS, alors que les systèmes de génotypage de microsatellites ne sont plus améliorés et vont probablement à terme tomber en déshérence. La base de la technologie nécessaire existe avec le RAD-sequencing à double digestion (Peterson et al. 2012), qui propose des méthodes pour choisir des nombres de séquences génotypées par génome allant de 400 à 100 000 chez le zebrafish, ainsi qu'une méthode de multiplexage à deux niveaux des échantillons, permettant de mélanger plus de 500 individus dans une seule cellule de séquençage. Aujourd'hui, la plupart des utilisateurs des NGS cherchent à obtenir de grands nombres de marqueurs pour entreprendre des études de QTLs ou de génétique d'association, qui n'étaient pas accessibles avant que cette technologie ne soit disponible. Je pense qu'il serait intéressant de tester ces méthodes pour générer de façon fiable quelques centaines de marqueurs polymorphes sur un grand nombre d'individus, sans avoir besoin d'adaptation entre populations voire même entre espèces de taille et composition de génome suffisamment proches. Il y a là un travail à la fois de laboratoire et de bioinformatique à entreprendre, pour lequel il faudra rechercher des collaborations mais qui pourrait changer en profondeur la manière de travailler, en unifiant beaucoup plus qu'aujourd'hui les méthodes pratiques de génotypage.

4 Collaborer, financer, encadrer

Arriver à mettre en œuvre ce qui est exposé ici, à la fois en termes de réalisations et de projets, n'est évidemment pas (et ne sera pas) le résultat d'un travail solitaire. La collaboration est essentielle pour obtenir l'efficacité et l'impact, et j'ai toujours essayé de me positionner dans des réseaux là ou ma compétence (compréhension du modèle linéaire, savoir-faire expérimental, vision généraliste de l'aquaculture) était valorisée au mieux. Cela inclut d'abord les collaborations à l'intérieur du laboratoire de Génétique des Poissons de l'INRA de Jouy-en-Josas (maintenant équipe Genaqua de l'UMR GABI), avec en particulier Edwige Quillet, Bernard Chevassus et René Guyomard, et surtout Mathilde Dupont-Nivet avec laquelle nous avons travaillé main dans la main sur l'optimisation des schémas de sélection poisson et les premières expériences d'estimation d'héritabilité utilisant des pedigrees moléculaires pendant une bonne dizaine d'années. A l'extérieur du laboratoire, j'ai construit les liens avec l'Ifremer de Palavas et l'équipe de Béatrice Chatain, en montant un premier GDR en 2003, qui a été suivi d'un second sur 2008-2012, et nous a permis de défricher l'amélioration génétique du bar, sur laquelle nous n'avons pas de réels concurrents aujourd'hui. Ceci nous a aussi permis de mettre en œuvre de riches approches complémentaires entre truite et bar à travers deux thèses INRA-Ifremer sur de grands sujets comme l'efficacité alimentaire, (Laure Grima de 2007 à 2010) ou l'adaptation aux aliments végétaux (Richard le Boucher de 2008 à 2011). Ces deux sujets ont aussi nécessité des collaborations avec des nutritionnistes, de l'INRA (Françoise Médale, Sachi Kaushik et Muriel Mambrini) et de l'Ifremer (Jean Robin, Davis Mazurais, José Zambonino).

Les études de caractères complexes ont aussi fait appel à un vaste réseau de collaborations, Patrick Prunet (INRA Rennes) pour les questions de stress et d'adaptation, Guy Claireaux et David McKenzie (CNRS) sur l'énergétique et les capacités de nage, Marie-Laure Bégout (Ifremer) sur le comportement, et Joël Aubin (INRA) sur les analyses de cycle de vie. Mon réseau de collaborations s'étend aussi à l'étranger, avec un compagnonnage de plusieurs années avec Otomar Linhart, de l'Université de Ceske Budejovice sur la génétique et la reproduction de la carpe, un co-encadrement de thèse (ACV et génétique) avec Hans Komen de l'Université de Wageningen, des études de morphométrie avec Corrado Costa de l'Université de Rome, des collaborations récentes sur le RAD-sequencing et le sexe du bar avec Dave Penman de l'Université de Stirling, et depuis 7 ans un investissement sur le terrain à Madagascar, avec l'APDRA, une ONG française, et des scientifiques locaux du FOFIFA, pour résoudre les questions pratiques de génétique que se posent les pisciculteurs paysans de carpe.

Un marqueur essentiel de mon activité de recherche est aussi une collaboration continue avec le Sysaaf, où les liens de confiance établis au cours des années avec Pierrick Haffray nous ont qui permet d'une part de travailler avec les entreprises de sélection, souvent dans leurs murs, sur des sujets qui les intéressent directement, et d'autre part d'obtenir pour cela des financements publics, qui sont aujourd'hui souvent conditionnés à la présence d'entreprises dans les consortiums. Cette proximité permet un transfert direct des méthodes produites au cours des projets, une meilleure compréhension mutuelle entre les mondes de le recherche et de l'entreprise, et ainsi facilite l'émergence de nouveaux projets, à la fois au niveau national et au niveau européen.

Dans le monde actuel, l'activité de recherche ne se conçoit pas sans la recherche de financements. Depuis 1997, j'ai participé au montage de 48 projets de recherches, dont 24 ont été financés (liste §7.4). Ces projets, sur tous types de financements (incitations INRA et Ifremer, Ministères, France Agrimer, ANR, FUI, Europe), m'ont permis de toujours avoir les moyens de travailler dans des conditions satisfaisantes. Bien entendu, ceci n'est possible qu'avec des capacités expérimentales – et nous avons des outils magnifiques, à la fois en termes de matériel animal, de compétences et

d'installations, à l'INRA et à l'Ifremer, qui nous permettent d'obtenir des données de grande qualité, et donc de fournir à nos étudiants un matériau exceptionnel pour développer leurs compétences. Ces installations expérimentales, et les capacités d'analyse nécessaires nécessitent aussi des financements importants, et je n'ai jamais ménagé mes efforts pour en obtenir, y compris en prenant en charge la coordination du projet européen d'infrastructures de recherche aquacole AQUAEXCEL (17 partenaires européens), pas très « sexy » sur le plan scientifique, mais visant à améliorer l'écosystème de la recherche aquacole. D'une manière générale, j'ai toujours pris ma part dans ces actions collectives de fond, en dirigeant le laboratoire de Génétique des Poissons de 2000 à 2005, puis en prenant en charge la coordination piscicole à l'INRA depuis 2008, et le montage en 2012 du GIS Piscicultures Demain, qui regroupe recherche et professionnels de la filière piscicole française (INRA, Ifremer, IRD, Cirad, Agrocampus Ouest, ITAVI, Sysaaf, CIPA et FFA). J'ai également investi dans la présence dans les réseaux européens (à travers AQUAEXCEL et le groupe aquaculture de l'EFFAB) et dans les congrès nationaux et internationaux[11], ainsi que les réunions avec les rencontres recherche-profession (participations aux réunions du SFAM, aux journées techniques et assemblées générales du Sysaaf, participation à l'organisation bisannuelle des Journées Recherche Filière Piscicole depuis 2009). Ceci a certainement été payant en termes de visibilité et d'opportunités de financement.

Avec le recul, je m'aperçois cependant que nous avons toujours privilégié l'obtention de grandes quantités de données de qualité, donc les aspects expérimentaux et analytiques, en ne donnant pas toujours la place qu'ils méritent aux financements d'étudiants en thèse et de post-doc. Car c'est aussi une grande satisfaction que de faire passer les connaissances et l'expérience accumulées à des étudiants, soit par le biais d'intervention dans des formations (en moyenne 36 heures/an, §7.1), soit en les encadrant et les formant à la recherche – et à la publication, qui reste le marqueur ultime d'un travail abouti. Cette HDR sera aussi pour moi l'occasion d'infléchir nos projets vers plus de formation par la recherche, et en complément vers une meilleure valorisation scientifique des résultats, étant persuadé que les données que nous savons acquérir méritent souvent mieux qu'une publication dans les journaux spécialisés en aquaculture – même si nous devons bien entendu aussi garder cette compétence et cette visibilité aquacoles.

[11] En particulier le congrès annuel de l'European Aquaculture Society, pas le meilleur sur le plan scientifique mais où tout le monde européen de l'aquaculture se retrouve

5 Conclusion

L'amélioration génétique aquacole est un champ d'investigation relativement jeune, mais qui s'est incontestablement accru et modifié avec d'une part l'augmentation rapide de la production aquacole, et d'autre part la mise en œuvre des pedigrees moléculaires.

Je pense que l'ensemble des travaux rapportés plus haut, optimisation de l'efficacité de l'assignation de parenté, obtention de paramètres génétiques fiables, réflexion sur la conception des programmes de sélection utilisant des pedigrees moléculaires, à la suite des travaux de Bernard Chevassus qui ont mis la sélection à la portée de tous, ont apporté une contribution significative au développement de l'amélioration génétique aquacole, en particulier en France, où l'on comptait en 2009 environ 1/3 des programmes de sélection européens (Aquabreeding 2009), alors que la production piscicole y est très modeste par rapport aux autres pays européens (6,5% en 2013 selon la FEAP[12]).

Aujourd'hui, une demande forte existe d'améliorer de nouveaux caractères, tournant autour de l'efficience plus que de la quantité produite, et en parallèle les outils issus du séquençage haut débit sont de plus en plus disponibles, et promettent quantité de nouvelles données. Autant il est évident que sélectionner sur la croissance ne nécessitera jamais d'information génomique, autant on peut penser que son apport pourra être essentiel pour ces caractères « difficiles » - ou *a minima* que si l'information génomique peut apporter des réponses pratiques aux questions des sélectionneurs, ce sera sur ce type de caractères, et c'est donc là que je ferai porter mon effort dans les années qui viennent, avec je l'espère plus d'étudiants que par le passé, et sans perdre de vue l'applicabilité des résultats et le réalisme des solutions qui en découlent.

[12] Federation of European Aquaculture Producers

6 Liste des publications

incluant **étudiants encadrés** co-signataires et **facteurs d'impact**.

6.1 Articles originaux

A53 **Besson M.**, Komen H., Aubin J., de Boer I.J.M., Poelman M., Quillet E., Vancoillie C., **Vandeputte M.**, van Arendonk J.A.M., 2015. Economic values of growth and feed efficiency in fish farming under density and nitrogen output limitations: an African catfish case study. *Journal of Animal Science* (sous presse) **IF=1.920**

A52 De Verdal H., **Vandeputte M.**, Pepey E., Vidal M.O., Chatain B., 2014. Individual growth monitoring of European sea bass larvae by image analysis and microsatellite genotyping. *Aquaculture* 434: 470-475. **IF=1.828**

A51 McKenzie D.J.M., Vergnet A., Chatain B., **Vandeputte M.**, Desmarais E., Steffensen J.F., Guinand B., 2014. Physiological mechanisms underlying individual variation in tolerance of starvation in the European sea bass *Dicentrarchus labrax* L. 1758. *Journal of Experimental Biology* 217: 3283-3292 **IF=3.002**

A50 Costa C., Negretti P., **Vandeputte M.**, Pallottino F., Antonucci F., Aguzzi J., Bianconi G., Menesatti P., 2014. Innovative automated landmark detection for food processing: the backwarping approach. *Food and Bioprocess Technology* 7: 2291-2298. **IF=3.126**

A49 De Verdal H., Rosario W., **Vandeputte M.**, Muyalde N., Morissens P., Baroiller J.F., Chevassus B., 2014. Response to selection for growth in an interspecific hybrid between *Oreochromis mossambicus* and *O. niloticus* in two distinct environments. *Aquaculture* 430: 159-165. **IF=1.828**

A48 Ferrari S., Chatain B., Cousin X., Leguay D., Vergnet A., Vidal M.O., **Vandeputte M.**, Bégout M-L., 2014. Early individual electronic identification of sea bass using RFID microtags: a first example of early phenotyping of sex-related growth. *Aquaculture* 426-427: 165-171. **IF=1.828**

A47 **Vandeputte M.**, **Garouste R.**, Dupont-Nivet M., Haffray P., Vergnet A., Chavanne H., Laureau S., Ron T.B., Pagelson G., Mazorra C., Ricoux R., Marques P., Gameiro M., Chatain B., 2014. Multi-site evaluation of the rearing performances of 5 wild populations of European sea bass (*Dicentrarchus labrax*). *Aquaculture* 424-425: 239-248. **IF=1.828**

A46 **Daulé S.**, **Vandeputte M.**, Vergnet A., Guinand B., **Grima L.**, Chatain B., 2014. Effect of selection for fasting tolerance on feed intake, growth and feed efficiency in the European sea bass *Dicentrarchus labrax. Aquaculture* 420-421: S42-S49. **IF=1.828**

A45 Haffray P., Bugeon J., Rivard Q., Quittet B., Puyo S., Allamellou J.M., **Vandeputte M.**, Dupont-Nivet M., 2013. Genetic parameters of *in vivo* prediction of carcass, head and fillet yields by internal ultrasound and 2D external imagery in large rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 410-411: 236-244. **IF=1.828**

A44 **Le Boucher R.**, **Vandeputte M.**, Dupont-Nivet M., Quillet E., Ruelle F., Vergnet A., Kaushik S., Médale F., Chatain B., 2013. Genotype by diet interactions in European sea bass (*Dicentrarchus labrax*, L.) in case of a nutritional challenge on totally plant-based diets. *Journal of Animal Science* 91: 44-56. **IF=1.920**

A43 **Karahan Nomm B.**, Chatain B., Chavanne H., Vergnet A., Bardon A., Haffray P., Dupont-Nivet M., **Vandeputte M.**, 2013. Heritabilities and correlations of deformities and growth related traits in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax*, L) in four different sites. *Aquaculture Research* 44: 289-299. **IF=1.320**

A42 Costa C., Antonucci F., Boglione C., Menesatti P., **Vandeputte M.**, Chatain B., 2013. Automated sorting for size, sex and skeletal anomalies of cultured seabass using external shape analysis. *Aquacultural Engineering* 52: 58-64. **IF=1.232**

A41 **Vandeputte M.**, 2012. An accurate formula to calculate the exclusion power of marker sets in parentage assignment. *Genetics Selection Evolution* 44:36. **IF=3.494**

A40 Haffray P., **Vandeputte M.**, Petit V., Pincent C., Chatain B., Chapuis H., Mériaux J.C., Coudurier B., Quillet E., Dupont-Nivet M., 2012. Minimizing non genetic maternal effect in salmonids families mixed since eyed stages for selection and a posteriori DNA-pedigreed. *Livestock Science* 150: 170-178. **IF=1.249**

A39 Haffray P., Bugeon J., Pincent C., Chapuis H., Mazeiraud E., Rossignol M.N., Chatain B., **Vandeputte M.**, Dupont-Nivet M., 2012. Negative genetic correlations between production traits and head or bony tissues in large all-female rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 368-369: 145-152. **IF=2.009**

A38 **Le Boucher R.**, Dupont-Nivet M., **Vandeputte M.**, Kerneïs T., Goardon L., Labbé L., Chatain B., Borthaire M.J., Larroquet L., Médale F., Quillet E., 2012. Selection for adaptation to dietary shifts: towards sustainable breeding of carnivorous fish. *PLoS ONE* 7(9): e44898. **IF=3.730**

A37 **Vandeputte M.**, Quillet E., Chatain B., 2012. Are sex ratios in wild European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) populations biased ? *Aquatic Living Resources* 25: 77-81. **IF=1.071**

A36 Geay F., Ferraresso S., Zambonino-Infante J.L., Bargelloni L., Quentel C., **Vandeputte M**., Kaushik S., Cahu C.C., Mazurais D., 2011. Effects of the total replacement of fish meal and fish oil with plant protein and oil sources on the hepatic transcriptome of two European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) sub-families exhibiting different growth potentials on an all plant-based diet. *BMC Genomics* 12: 522. **IF=4.073**

A35 **Le Boucher R.**, Quillet E., **Vandeputte M**., Lecalvez J.M., Goardon L., Chatain B., Médale F., Dupont-Nivet M., 2011. Plant-based diet in rainbow trout (*Oncorhynchus. mykiss*): are there genotype-diet interactions for main production traits when fish are fed marine vs plant-based diets from the first meal? *Aquaculture* 321: 41-48. **IF=2.041**

A34 **Le Boucher R.**, **Vandeputte M.**, Dupont-Nivet M., Quillet E., Mazurais D., Robin J., Vergnet A., Médale F., Kaushik S., Chatain B., 2011. A first insight into genotype-diet interactions in European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) in the context of plant-based diet use. *Aquaculture Research* 42: 583-592 **IF=1.203**

A33 Dupont-Nivet M., **Vandeputte M.**, 2011. Is avoiding full sibs matings really worthwile in a selection program? *Aquaculture* 314: 277-281. **IF=2.041**

A32 **Vandeputte M.**, Rossignol M.N., Pincent C., 2011. From theory to practice: empirical evaluation of the assignment power of marker sets for pedigree analysis in fish breeding. *Aquaculture* 314: 80-86. **IF=2.041**

A31 Dupont-Nivet M., Chevassus B., Mauger S., Haffray P., **Vandeputte M.**, 2010. Side effects of sexual maturation on heritability estimates in rainbow trout. *Aquaculture Research* 41: e878-e880. **IF=1.186**

A30 Costa C., **Vandeputte M.**, Antonucci F., Boglione C., Menesatti P., Cenadelli S., Parati K., Chavanne H., Chatain B., 2010. Genetic and environmental influences on shape variation in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax*). *Biological Journal of the Linnean Society* 101: 427-436. **IF=2.166**

A29 Dupont-Nivet M., **Karahan-Nomm B.**, Vergnet A., Merdy O., Haffray P., Chavanne H., Chatain B., **Vandeputte M.**, 2010. Genotype by environment interactions for growth in European seabass (*Dicentrarchus labrax*) are large when growth rate rather than weight is considered. *Aquaculture* 306: 365-368. **IF=2.044**

A28 Geay F., Santigosa I Culi E., Corporeau C., Boudry P., Dreano Y., Corcos L., Bodin N., **Vandeputte M.**, Zambonino-Infante J.L., Mazurais D., Cahu C.L., 2010. Regulation of FADS2 expression and activity in European sea bass (*Dicentrarchus labrax*, L.) fed a vegetable diet. *Comparative Biochemistry and Physiology B* 156: 237-243. **IF=1.989**

A27 Dupont-Prinet A., Chatain B., **Grima L.**, **Vandeputte M.**, Claireaux G., McKenzie D.J., 2010. Physiological mechanisms underlying a trade-off between growth rate and tolerance of starvation in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax Journal of Experimental Biology* 213: 1143-1152. **IF=3.040**

A26 **Grima L.**, Chatain B., Ruelle F., Vergnet A., Launay A., Mambrini M., **Vandeputte M.**, 2010. In search for indirect criteria to improve feed utilization efficiency in sea bass (*Dicentrarchus labrax*). Part II: Heritability of weight loss during feed deprivation and weight gain during re-feeding periods. *Aquaculture* 302: 169-174. **IF=2.044**

A25 **Grima, L.** **Vandeputte M.**, Ruelle F., Vergnet A., Mambrini M., Chatain B., 2010. In search for indirect criteria to improve residual feed intake in sea bass (*Dicentrarchus labrax*). Part I: phenotypic relationship between residual feed intake and body weight variations during feed deprivation and re-feeding periods. *Aquaculture* 300 : 50-58. **IF=2.044**

A24 **Bardon A.**, **Vandeputte M.**, Dupont-Nivet M., Chavanne H., Haffray P., Vergnet A., Chatain B., 2009. What is the heritable component of spinal deformities in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax*)? Aquaculture 294: 194-201. **IF=1.925**

A23 **Vandeputte M.**, Dupont-Nivet M., Haffray P., Chavanne H., Cenadelli S., Parati K., Vidal M.O., Vergnet A., Chatain B., 2009. Response to domestication and selection for growth in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) in separate and mixed tanks. *Aquaculture* 286 :20-27. **IF=1.925**

A22 **Kaspar V.**, Hulak M., Kohlmann K., **Vandeputte M.**, Rodina M., Gela D., Linhart O., 2008. *In vitro* study on sperm competition in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Cybium* 32(2) suppl.: 303-306. **IF=0.403**

A21 **Kaspar V.**, **Vandeputte M.**, Kohlmann K., Hulak M., Alavi S.M.H., Gela D., Kocour M., Linhart O., 2008. A proposal and case study towards a conceptual approach of validating sperm competition in common carp (*Cyprinus carpio* L.), with practical implications for hatchery procedures. *Journal of Applied Ichthyology* 24: 406-409. **IF=0.638**

A20 **Vandeputte M.**, **Kocour M.**, Mauger S., Rodina M., Launay A., Gela D., Dupont-Nivet M., Linhart O., 2008. Genetic variation for growth at one and two summers of age in the common carp (*Cyprinus carpio* L.): heritability estimates and response to selection. *Aquaculture* 277: 7-13. **IF=1.678**

A19 Dupont-Nivet M., **Vandeputte M.**, Vergnet A., **Merdy O.**, Haffray P., Chavanne H., Chatain B., 2008. Heritabilities and GxE interactions for growth in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) using a marker-based pedigree. *Aquaculture* 275: 81-87. **IF=1.678**

A18 **Kaspar V.**, Kohlmann K., **Vandeputte M.**, Rodina M., Gela D., Kocour M., Hadi Alavi S.M., Hulak M., Linhart O., 2007. Equalizing sperm concentrations in a common carp (*Cyprinus carpio*) sperm pool does not affect variance in proportions of larvae sired in competition. *Aquaculture* 272 S1: S204-S209. **IF=1.735**

A17 **Kocour M.**, Mauger S., Rodina M., Gela D., Linhart O., Flajšhans M., **Vandeputte M.,** 2007, Heritability estimates for processing traits in common carp (*Cyprinus carpio* L.) using a molecular pedigree. *Aquaculture* 270: 43-50. **IF=1.735**

A16 **Vandeputte M**., Dupont-Nivet M., Chavanne H., Chatain B., 2007. A polygenic hypothesis for sex determination in the European sea bass. *Genetics* 176: 1049-1057. **IF=4.001**

A15 Boujard T., Ramezi J., **Vandeputte M.,** Labbé L., Mambrini M., 2007.Group feeding behaviour of brown trout is a correlated response to selection for growth shaped by environment. *Behavior Genetics* 37: 525-534. **IF=2.953**

A14 Gabillard J.C., Kouakou Y., **Vandeputte M.,** Guttierez J., Le Bail P.Y., 2006 .Differential expression of two GH receptor mRNAs following temperature change in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Journal of Endocrinology* 190: 29-37. **IF=3.072**

A13 **Kocour M.**, Linhart O., **Vandeputte M**., 2006. Mouth and fin deformities in common carp: is there a genetic basis ? *Aquaculture Research* 37: 419-422. **IF=1.051**

A12 **Vandeputte M.**, Mauger S., Dupont-Nivet M., 2006. An evaluation of allowing for mismatches as a way to manage genotyping errors in parentage assignment by exclusion. *Molecular Ecology Notes* 6: 265-267. **IF=1.220**

A11 Dupont-Nivet M., **Vandeputte M.**, Haffray P., Chevassus B., 2006. Effect of different mating designs on inbreeding, genetic variance and response to selection when applying individual selection in fish breeding programs. *Aquaculture* 252: 161-170. **IF=2.081**

A10 Linhart O., Rodina M., Gela D., Kocour M., **Vandeputte M.**, 2005. Spermatozoal competition in common carp (*Cyprinus carpio*): what is the primary determinant of competition success? *Reproduction* 130: 705-711. **IF=3.136**

A9 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*). *Genetics Selection Evolution* 36: 643-661. **IF=1.645**

A8 **Vandeputte M.**, **Kocour M.**, Mauger S., Dupont-Nivet M., **De Guerry D**., Rodina M., Gela D., Vallod D., Chevassus B., Linhart O., 2004. Heritability estimates for growth-related traits using microsatellite parentage assignment in juvenile common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Aquaculture* 235: 223-236. **IF=1.627**

A7 **Vandeputte M.**, **Peignon E.**, Vallod D., Haffray P., Komen J., Chevassus B., 2002. Comparison of growth performances of three French strains of common carp (*Cyprinus carpio*) using hemi-isogenic scaly carp as internal control. *Aquaculture* 205: 19-36. **IF=1.507**

A6 **Vandeputte M.**, Quillet E., Chevassus B., 2002. Early development and survival in brown trout (*Salmo trutta fario* L.): indirect effects of selection for growth rate and estimation of genetic parameters. *Aquaculture* 204: 435-445. **IF=1.507**

A5 Dupont-Nivet M., **Vandeputte M.**, Chevassus B., 2002. Optimization of mating designs for inference on heritability in fish species. *Aquaculture* 204: 361-370. **IF=1.507**

A4 **Vandeputte M.,** Dupont-Nivet M., Chatain B., Chevassus B., 2001. Setting up a strain testing design for the seabass, *Dicentrarchus labrax*: a simulation study. *Aquaculture* 202: 329-342. **IF=1.507**

A3 Linhart O., Haffray P., Ozouf-Costaz C., Flajshans M., **Vandeputte M.**, 2001. Comparison of methods for hatchery-scale triploidization of European catfish (*Silurus glanis* L.). *Journal of Applied Ichthyology* 17: 247-255. **IF=0.327**

A2 Joly J.S., Kress C., **Vandeputte M.**, Bourrat F., Chourrout D., 1999. Irradiation of fish embryos prior to blastomere transfer boosts the colonisation of their gonads by donor-derived gametes. *Molecular Reproduction and Development* 53: 394-397. **IF=2.543**

A1 Haffray P., Vauchez C., **Vandeputte M.**, Linhart O., 1998. Different growth and processing traits in males and females of European catfish, *Silurus glanis*. *Aquatic Living Resources* 11: 341-345. **IF=0.768**

6.2 Synthèses

S9 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* (sous presse)

S8 Le Boucher R., Dupont-Nivet M., Laureau S., Labbé L., Geurden I., Médale F., Chatain B., **Vandeputte M.**, Quillet E., 2013. Amélioration génétique et utilisation des aliments à base de végétaux en pisciculture. *INRA Productions Animales* 26: 317-326.

S7 Vandeputte M., 2009. L'amélioration génétique de la carpe commune (*Cyprinus carpio* L.). *Cahiers Agricultures* 18 : 256-261. **IF=0.173**

S6 Vandeputte M., Baroiller J.F., Haffray P., Quillet E., 2009. Amélioration génétique des poissons : quelles réalisations et quels défis pour demain ? *Cahiers Agricultures* 18 : 262-269. **IF=0.173**

S5 Fontaine P., Legendre M., **Vandeputte M.**, Fostier A., 2009. Domestication de nouvelles espèces et développement durable de la pisciculture. *Cahiers Agricultures* 18: 119-124. **IF=0.173**

S4 Mignon-Grasteau S., Boissy A., Bouix J., Faure J.M., Fisher A., Hinch G.A., Jensen P., Le Neindre P., Mormède P., Prunet P., **Vandeputte M.**, Beaumont C., 2005. Genetics of adaptation and domestication in livestock. *Livestock Production Science* 93: 3-14. **IF=1.325**

S3 Vandeputte M., Launey S., 2004. Quelle gestion génétique de la domestication chez les poissons ? *INRA Productions Animales* 17: 237-242. **IF=0.134**

S2 Vandeputte M., 2003. Selective breeding of quantitative traits in the common carp (*Cyprinus carpio L.*): a review. *Aquatic Living Resources*. 16: 399-407. **IF=0.768**

S1 Vandeputte M., Prunet P., 2002. Génétique et adaptation chez les poissons : domestication, résistance au stress et adaptation aux conditions de milieu. *INRA Productions Animales* 15: 365-371. **IF=0.302**

6.3 Articles soumis pour publication

AS2 Guinand B., **Vandeputte M.**, Dupont-Nivet M., Vergnet A., Haffray P., Chavanne H., Chatain B., 20XX Metapopulation heterosis in a marine fish species, the European sea bass (*Dicentrarchus* labrax), is not related to better performance of F1hybrids. Soumis à Evolutionnary Applications (sept 2014)

AS1 Palaiokostas C., Bekaert M., Taggart J.B., Gharbi K, McAndrew B.J., ChatainB., Penman D.J., **Vandeputte M.**, 20XX. A new SNP-based vision of the genetics of sex determination in European sea bass (*Dicentrarchus labrax*). Soumis à Genetics Selection Evolution (août 2014)

6.4 Publication web

FAO, 2012. Cultured Aquatic Species Information Programme. *Salmo trutta*. Text by **Vandeputte, M**. & Labbé, L. In: FAO Fisheries and Aquaculture Department [online]. Rome. Updated 1 January 2012. [Cited 30 November 2012]. http://www.fao.org/fishery/culturedspecies/Salmo_trutta/en

6.5 Ouvrages et chapitres d'ouvrages

C3 Guyomard R., **Vandeputte M.**, 2010. Chapitre 1: Génétique, *in* La truite arc-en-ciel, de la biologie à l'élevage, Jalabert B., Fostier A. (eds), Editions QUAE, Paris, France, pp. 9-38.

C2 Bobe J., Breton B., Fostier A., Guiguen Y., Jalabert B., Kah O., Labbé C., Lareyre J.J., Le Bail P.Y., Le Gac F., Leveroni Calvi S., Mahé S., Quillet E., **Vandeputte M.**, 2010. Chapitre 2: Sexualité et

reproduction, *in* La truite arc-en-ciel, de la biologie à l'élevage, Jalabert, B., Fostier, A. (eds), Editions QUAE, Paris, France, pp. 39-81.

C1 Vandeputte M., 2010. Chapitre 13: Méthodes de gestion et amélioration génétique des populations d'élevage, *in* La truite arc-en-ciel, de la biologie à l'élevage, Jalabert, B., Fostier, A. (eds), Editions QUAE, Paris, France, pp. 257-272.

6.6 Rapports diplômants

R4 Vandeputte M., 2012. Genetic variation of growth and sex ratio in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) as revealed by molecular pedigrees, Thèse de doctorat, AgroParisTech, 128 pp.

R3 Vandeputte M., 1997, Analyse génétique quantitative du développement pendant la résorption vitelline chez la truite commune (*Salmo trutta fario* L.), Rapport DEA Biologie des Populations, Génétique et Eco-éthologie, Institut National Agronomique Paris-Grignon, Paris, 23 pp.

R2 Vandeputte M., 1990, Contribution à l'étude de l'endocrinologie aux premiers stades de la croissance chez la truite commune *Salmo trutta fario*, mémoire de DEA Biologie et Agronomie, ENSAR - Université de Rennes I, 34 pp.

R1 Vandeputte M., 1989, Le développement des productions aquacoles en étang: potentialités et contraintes - le cas de la Bretagne Centrale, mémoire de DAA spécialité Sciences Animales, Institut National Agronomique Paris-Grignon, Paris, 79 pp. + biblio + annexes

6.7 Communications dans des congrès en 2014

CS10 Palaiokostas C., Bekaert M., Taggart J.B., Gharbi K., Davie A., Migaud H., **Vandeputte M.**, McAndrew B.J., Penman D.J., 2014. High-Throughput Sequencing in Aquaculture: The complexities of sex determination in farmed fish with sexual dimorphism. 1st International Congress of applied ichthyology & aquatic environment - HydroMedit 2014, Volos, Greece, 13-15 November 2014.

CS9 Oral M., Colléter J., Bekaert M., Taggart J.B., Palaiokostas C., McAndrew B.J., **Vandeputte M.**, Chatain B., Penman D.J., 2014. A SNP map of the European sea bass genome based on a meiotic gynogenetic family. Aquaculture Europe 2014, October 14-18, San Sebastian, Spain.

CS8 Bestin A., Dupont-Nivet M., Médale F., Quillet E., **Vandeputte M.**, Cariou S., Desgranges A., Laureau S., Ricoux R., Beutin C., Haffray P., 2014. Comparative additive genetic basis of high feed substitution by plant ingredients in 4 major fish species farmed in temperate and southern Europe. Aquaculture Europe 2014, October 14-18, San Sebastian, Spain (oral).

CS7 **Vandeputte M.**, Reuver M., 2014. AQUAEXCEL: Building a network of European aquaculture research infrastructures. Aquaculture Europe 2014, October 14-18, San Sebastian, Spain (oral).

CS6 Besson M., Aubin J., van Arendonk J.A.M., Komen H., Poelman M., **Vandeputte M.,** de Boer I.J.M., 2014. Environmental consequences of genetic improvement in fish production: a life cycle perspective. 9th International Conference LCA of Food, San Francisco, USA, 8-10 October 2014 (oral) http://lcafood2014.org/papers/139.pdf (oral)

CS5 **Vandeputte M.**, Quillet E., Chatain B., 2014. Prospects to modify sex ratio by domestication and selective breeding in farmed populations of European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.).

International Conference on Sex Determination and Differenciation in Fishes: Genes, Environment and Behavior, Lisbon, Portugal, 23-24 September 2014 (oral).

CS4 **Vandeputte M.**, 2014. Why fish domestication and selective breeding are essential and how they should be properly managed. Aquascience 2014, Fos de Iguaçu, Brasil, 1-5 September 2014 (conférence invitée).

CS3 Bestin A., Dupont-Nivet M., Haffray P., Médale F., Quillet E., **Vandeputte M.**, Cariou S., Desgranges A., Laureau S., Ricoux R., Beutin C., 2014. Genotype by diet interactions on growth and processing traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*), European sea bass (*Dicentrarchus labrax*), gilthead sea bream (*Sparus aurata*) and meagre (*Argyrosomus regius*) fed diets with almost complete substitution of both fish meal and fish oil by vegetal ingredients, 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Vancouver, August 17–22, 2014 (poster).

CS2 Besson M., Komen H., **Vandeputte M.**, Aubin J., de Boer I.J.M., van Arendonk J.A.M., 2014. Economic and environmental impacts of improving growth rate and feed efficiency in fish farming depend on nitrogen and density limitation, 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Vancouver, August 17–22, 2014 (oral).

CS1 de Verdal H., **Vandeputte M.**, Pepey E., Vidal M.O., Ouedraogo C., Canonne M., D'Cotta H., Baroiller J.F., Baras E., Chatain B., 2014. Estimation of body weight of European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) and Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) larvae by image analysis. 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Vancouver, August 17–22, 2014 (oral).

+ 108 communications (6 conférences invitées, 71 oraux, 25 posters) dans des conférences nationales et internationales de 2000 à 2013

6.8 Communications de vulgarisation à destination des professionnels en 2014

CV12 **Vandeputte M.**, 2014. Fish breeding for dummies. European Percid Fish Culture workshop, October 14, San Sebastian, Spain (oral)

CV11 **Vandeputte M**., 2014. Bilan et recommandations du volet génétique de la carpe du Projet d'appui à la pisciculture paysanne à Madagascar. Universités d'été APDRA, Bordeaux, 29 août 2014 (oral).

CV10 **Vandeputte M.**, Quillet E., 2014. Quelles possibilités en sélection génétique pour la résistance aux maladies? 4èmes Journées Recherche Filière Piscicole, 2-4 Juillet 2014, Paris (oral).

CV9 Besson M., Komen H., AubinJ., de Boer I.J.M., Quillet E., **Vandeputte M.**, van Arendonk J.A.M., 2014. Quels sont les impacts économiques et environnementaux de la sélection génétique pour la croissance et l'efficacité alimentaire en pisciculture? 4èmes Journées Recherche Filière Piscicole, 2-4 Juillet 2014, Paris (oral).

CV8 **Vandeputte M.**, Chantry-Darmon C., Mahla R., Haffray P., Guyomard R., 2014. Développement d'une méthodologie efficace d'assignation de parenté chez l'esturgeon sibérien *Acipenser baeri*. 4èmes Journées Recherche Filière Piscicole, 2-4 Juillet 2014, Paris (poster).

CV7 Bugeon J., Joret L., Aubin J., Colson V., Legac F.,Kaushik S., Médale F., **Vandeputte M.**, Vergnet A., Le Bail P.Y., 2014. ATOL et EOL: deux ontologies de référence dans le domaine du phénotypage et des conditions d'élevage des poissons. 4èmes Journées Recherche Filière Piscicole, 2-4 Juillet 2014, Paris (poster).

CV6 Bestin A., Dupont-Nivet M., Médale F., Quillet E., **Vandeputte M.**, Cariou S., Desgranges A., Laureau S., Ricoux R., Beutin C., Haffray P., 2014. Variabilité génétique de la capacité de quatre

espèces piscicoles à utiliser de l'aliment à forts taux de végétaux. . 4èmes Journées Recherche Filière Piscicole, 2-4 Juillet 2014, Paris (oral).

CV5 **Vandeputte M.**, Hubert J.N., Hervet C., Guyomard R., 2014. Spécificité des carpes malgaches: déterminisme génétique de l'écaillure. Atelier final projet PARRUR MADAPISCI, Antananarivo, 30 June 2014 (oral).

CV4 Ravakarivelo M., **Vandeputte M.**, 2014. Variabilité génétique de la carpe à Madagascar. Atelier final projet PARRUR MADAPISCI, Antananarivo, 30 June 2014 (oral).

CV3 **Vandeputte M.**, 2013. Bilans et perspectives sur la génétique de la carpe à Madagascar. Atelier APDRA, Antanetimboahanghy, Madagascar, 27 June 2014 (oral).

CV2 Besson M., **Vandeputte M**., Komen H., Aubin J., Poelman M., Vancoillie C., de Boer I.J.M., Quillet E., van Arendonk J.A.M., 2014. Valeurs économiques de l'efficacité alimentaire et du taux de croissance en système recirculé: exemple du *Clarias*. Journée du SFAM, 20 mars 2014, Montpellier. (oral)

CV1 Chatain B., **Vandeputte M.**, Vergnet A., 2014. Sélectionner l'efficacité alimentaire: état des lieux et avancées chez le bar. Journée du SFAM, 20 mars 2014, Montpellier. (oral)

+ 62 communications de vulgarisation de 2000 à 2013

7 Encadrement d'étudiants et tâches collectives

7.1 Encadrement d'étudiants et formation

Doctorat

- Besson, M., 2012-2016. Using life cycle assessment to design breeding programs in aquaculture that balance productivity with environmental sustainability. Thèse européenne EGS-ABG, co-encadrement H. Komen, Université de Wageningen, Pays-Bas) *(1 publication **A53**)*

*Par ailleurs, sans faire partie officiellement de l'encadrement, j'ai encadré deux étudiants tchèques de l'Université de Ceske Budejovice (République Tchèque), Martin Kocour (thèse passée en 2006) pour la conception, la réalisation, l'analyse et la publication de travaux sur l'héritabilité de caractères de production chez le carpe (4 publications **A7**, **A13**, **A17**, **A20**) et Vojtech Kaspar pour l'analyse et la publication de travaux sur la compétition spermatique chez la carpe (3 publications **A18**, **A21**, **A22**)*

Master 2

- **M8** Horri K., 2014. Héritabilité de la personnalité chez le bar européen *Dicentrarchus labrax* et corrélation avec les caractères de production. Master2 Gestion des Littoraux et des mers, Universités de Montpellier 1, 2 et 3.
- **M7** Hubert J.N., 2013. Evolution of scaliness in farmed and feral populations of the common carp (*Cyprinus carpio*) in Madagascar. Mémoire de fin d'études, AgroParisTech, Master Sciences et Technologies du Vivant et de l'Environnement, Spécialité : Génétique Animale, Génome et Diversité.
- **M6** Nguyen, T.M., 2012. Etude de la réponse à la sélection pour une adaptation aux aliments végétaux chez le bar européen *Dicentrarchus labrax* L., Mémoire de fin d'études, Master de l'Institut Supérieur des Sciences Agronomiques, Agroalimentaires, Horticoles et du Paysage, Rennes.
- **M5** Daulé, S., 2011. Test de l'efficacité alimentaire de deux lignées de bar européen (*Dicentrarchus labrax*) issues d'une sélection divergente sur la tolérance au jeûne. Stage de fin d'études Master II Biologie et Écologie pour la Forêt, l'Agronomie Gestion de l'Environnement, Université de Nancy. *(1 publication **A46**)*
- **M4** Garouste, R., 2008. Caractérisation phénotypique et génétique des performances en élevage de 5 populations sauvages de bar (*Dicentrarchus labrax*). Mémoire de fin d'études ENSA Toulouse. *(1 publication **A47**)*
- **M3** Porte, J.D., 2006, Effets de la domestication chez le bar. Stage de fin d'études de Master II BPAQ, Université de Rennes I.
- **M2** Merdy, O., 2003, Utilisation optimisée de l'identification de parenté par marqueurs microsatellites pour l'estimation de paramètres génétiques chez le bar, Stage de fin d'études d'ingénieur de l'INA-PG. *(1 publication **A19**)*
- **M1** Peignon E., 1997, Testage sur la croissance de trois souches de carpe (*Cyprinus carpio*), rapport de stage de fin d'études d'ingénieur de l'INA-PG, 39 pp. *(1 publication **A7**)*

Autres

- **EA6** Andria-Manajara D.E., 2013-2014. Etude des performances relatives des carpes « cuir » et « miroir » dans le contexte malgache. Thèse vétérinaire, Ecole vétérinaire d'Antananarivo (co-encadrement H. Rasamoelina)
- **EA5** Razafimandimby R., 2013-2014. Validation de la méthode du témoin interne écaillé pour la comparaison de performances de souches de carpes à Madagascar. Thèse vétérinaire, Ecole vétérinaire d'Antananarivo (co-encadrement H. Rasamoelina)

- **EA4** Baldit G., 2014. Prédiction des rendements de découpe et du sexe à partir de prédicteurs externes pour la sélection génétique du bar (*Dicentrarchus labrax*), 2e année DUT Génie Biologique option Bio-informatique, Université d'Auvergne.
- **EA3** Karahan B., 2008. Heritability and correlations of spine deformities and growth in European sea bass reared in four different sites. Stage post-doctoral de 6 mois (collaboration université d'Izmir, Turquie) *(2 publications **A29, A43**)*
- **EA2** Bardon A., 2008. Variabilité génétique des malformations vertébrales au cours du développement dans une cohorte de bar. Stage pré-doc de 6 mois. *(2 publications **A24, A43**)*
- **EA1** De Guerry, D., 2002, Utilisation de marqueurs microsatellites pour la gestion génétique et la sélection de la carpe commune, Stage d'initiation à la recherche ESITPA, Val de Reuil. *(1 publication **A8**)*

Comités de thèse

- **CT5** Sébastien Ferrari, (encadrement ML Bégout et B. Chatain, Ifremer). Characterization, heritability and variability of personality traits in European seabass, *Dicentrarchus labrax* (2011-2014)
- **CT4** Patrick Azéma, (encadrement T. Renault, P. Boudry, Ifremer). Caractérisation des paramètres génétiques de la résistance à certains agents infectieux chez l'huître creuse, *Crassostrea gigas*, dans le cadre des surmortalités. (2013-2016)
- **CT3** Richard Le Boucher (encadrement E.Quillet - INRA GABI et B. Chatain - Ifremer). Génétique de l'utilisation des produits d'origine végétale chez la truite arc-en-ciel (Oncorhynchus mykiss) et le bar européen (Dicentrarchus labrax). 2008-2011
  *En plus de la participation au comité de thèse, j'ai co-encadré Richard le Boucher pour la conception, la réalisation, l'analyse et la publication de ses expérimentations sur le bar avec Béatrice Chatain (2 publications **A34, A44**)*
- **CT2** Laure Grima (encadrement M. Mambrini - INRA et B. Chatain - Ifremer). Vers une sélection de l'efficacité d'utilisation de l'aliment chez le poisson. 2006-2010.
  *En plus de la participation au comité de thèse, j'ai co-encadré Laure Grima pour la réalisation, l'analyse et la publication de ses expérimentations sur le bar avec Béatrice Chatain (2 publications **A26**, **A25**)*
- **CT1** Lydie N'Dri (encadrement S. Grasteau, INRA SRA). Interactions génotype-environnement chez le poulet label et la pondeuse de race locale. 2003-2005

Jury de thèse

- Panya Sae-Lim, 2013. One size fits all ? Optimization of rainbow trout breeding program under diverse producer preferences and genotype-by-environment interaction. 8 Mars 2013, Wageningen, Pays-Bas (rapporteur).

Formations dispensées

Formation initiale

Gestion et amélioration génétique des poissons : cours de niveau licence ou master dans les cadres suivants

- CNAM Languedoc-Roussillon « Manager des entreprises aquacoles » (12 h à 24h/an depuis 1997)
- Master II « Productions animales en région chaude » CIRAD, Supagro, UM2 (6h/an depuis 2004)

- Licence pro aquaculture Université de Savoie (6h/an depuis 2013)
- Master II Sciences de l'Animal, AgroParisTech (3h/an depuis 2012)
- ISARA Lyon, 4e année ingénieur, module Biotechnologies (3h/an depuis 2003)
- Agrocampus Ouest - Université Rennes I, Master II Biologie, Productions animales et Qualité (4h/an, 1998-2011)
- Master Pro « Aquaculture continentale», Institut National Polytechnique de Lorraine (6h/an, 2006-2008)

Formation professionnelle et continue

- «Gestion génétique des populations de poissons », Formation professionnelle «Identification, Pilotage et Évaluation d'Opérations de Développement de la Pisciculture Paysanne» organisée par l'APDRAF (3h, 2010)
- Formation professionnelle « Genetics for hatchery managers », Université de Wageningen, 3 jours, 2009 (avec Hans Komen, Université de Wageningen, Pays-Bas et Anna Sonesson, Nofima, Norvège)
- Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques, AgroParisTech, (5 h en 1999, 8 h en 2001)
- Ecole-chercheurs "Méthodologies de comparaison de souches de poissons" pour IRD Montpellier (12 h, 2001)

7.2 Mandats

- Membre du Conseil Scientifique de la Faculté de Ceske Budejovice, Rép.Tchèque (2014-)
- Co-coordinateur du Directoire Opérationnel du GIS Piscicultures Demain (2012-)
- Membre du Comité de liaison Scientifique et Technique des Pêches Maritimes et de l'Aquaculture (2011-)
- Membre du Conseil Scientifique du programme de sélection collective huître creuse SCORE (2011-2014)
- Membre du groupe d'experts aquacoles de la plate-forme européenne FABRE-TP (2010-).
- Membre du board de l'International Association for Genetics in Aquaculture (2009-)
- Animateur de la Coordination Nationale Piscicole INRA (2008-)
- Animateur du Groupe Filière Pisciculture INRA (2008-)
- Membre de la Commission Scientifique du GIS Cryobanque Nationale puis du projet CRB-Anim (2003-)
- Animateur du GDR INRA-Ifremer« Amélioration génétique des Poissons » (2004-2005)
- Membre du Conseil Scientifique de la Station Expérimentale Piscicole Interrégionale de Blanc (1997-2004)
- Membre du Conseil de gestion du département Hydrobiologie et Faune Sauvage de l'INRA (membre élu 1998-2000, membre nommé 2000-2004)

7.3 Jurys de concours

- Président du concours INRA TRA11 (1 Animalier aquariums Gif/Yvette-2005)
- Président du concours INRA TRA02 (3 animaliers Tours et Rennes-2006)
- Président du concours INRA TRA10 (1 animalier, Rennes – 2008)
- Président du concours INRA TRA14 (2 animaliers, Rennes, 2010)

7.4 Dépôt de projets de recherche

NOM	Année	Sujet	Type	Mon rôle*	financé
Eurobass testing	1997	Mise en place d'outils pour la génétique du bar en Europe	UE Action concertée	participant	1998-1999
Génétique de la carpe	1997	Génétique de la carpe en France	Agriculture Demain	participant	1997-1999
Topbass	1999	Paramètres génétiques du bar	UE CRAFT	Coord INRA	NON
Génétique de la carpe	1999	Amélioration génétique de la carpe	Bilatéral Rép. Tchèque	Coord INRA	NON
Utilisation des empreintes génétiques	1999	Assignation de parenté en pisciculture	Ofimer	participant	2001-2002
Génétique de la carpe	2000	Amélioration génétique de la carpe	Bilatéral Rép. Tchèque	Coord INRA	2001-2002
Characterismus labrax	2000	Paramètres génétiques du bar	UE CRAFT	Coord INRA	NON
Heritabolum	2002	Paramètres génétiques du bar	UE CRAFT	Coord INRA	2003-2005
Génétique de la carpe 2	2003	Amélioration génétique de la carpe	Bilatéral Rép. Tchèque	Coord INRA	2004-2005
Competus	2004	Comparaison de souches de bar	UE CRAFT	Coord INRA	2005-2008
Genefirst	2004	Génétique du stress chez les poissons	UE STREP	participant	NON
Domadap	2004	Génétique de l'adaptation chez les poissons	AIP Inra-ifremer	participant	NON
AG Poissons	2005	Amélioration génétique des poissons	GDR Inra-Ifremer	Coord. INRA	2004-2008
Qualitytruite	2005	Variabilité génétique des caractères de découpe chez la truite	Ofimer	participant	2005-2007
Prosper+	2005	Indexation sur collatéraux en sélection aquacole	Ministère Agriculture	participant	2005-2007
PIDA carpe	2005	Mise en place d'un programme de gestion génétique de la carpe des Dombes	PIDA région Rhône Alpes	Coord INRA	NON
DOMINOV	2006	Biodiversité et domestication en aquaculture	ANR	Coord INRA	NON
Aquabreeding	2006	Amélioration de l'usage de l'amélioration génétique aquacole en UE	UE FP6 Coordination & Support	Coord INRA	2006-2008
Assiplo	2007	Assignation de parenté chez les polyploïdes	BRG	Coord. INRA	NON
Végétalix	2007	Adaptation du bar aux aliments végétaux	BRG	Coordinateur	NON

GALVA	2007	Adaptation des poissons aux aliments végétaux	ANR	participant	NON
GENIOUS	2007	Génétique de l'utilisation des ω3	UE FP7 Small Collaborative	participant	NON
FLAVORES	2007	Bases génétiques et fonctionnelles de la résistance au Flavobacterium	ANR Genanimal	participant	2008-2010
EDIPHYS	2008	Bases physiologique et génétique des stratégies énergétiques chez les poissons	ANR Blanc	Coord INRA	NON
Qualitytruite2	2008	Génétique des caractères de qualité chez la truite	Ofimer	participant	2009-2010
VEGEAQUA	2008	Adaptation des poissons aux aliments végétaux	FUI	Coordinateur scientifique	NON
ELDORADO	2008	Amélioration génétique de la daurade	UE FP7 SMEs	participant	NON
CryoAqua	2008	Cryoconservation des ressources génétiques aquacoles	CRB	participant	2009-2011
Apache	2008	Assignation de parenté chez l'esturgeon	Ministère Agriculture	participant	2009-2011
Vegifish	2008	Adaptation des poissons aux aliments végétaux	Ministère Agriculture	participant	NON
AGπ	2008	Amélioration génétique pour une pisciculture durable	GDR Inra-Ifremer	participant	2008-2012
EDIP	2009	Bases physiologique et génétique des stratégies énergétiques chez les poissons	ANR Blanc	participant	NON
REGAIE	2009	Ressources génétiques animales intensivement écologiques	ANR Systerra	participant	NON
VEGE-AQUA	2009	Adaptation des poissons aux aliments végétaux	FUI	Coordinateur scientifique	2009-2012
AQUAEXCEL	2009	Réseau d'infrastructures de recherche aquacole	UE FP7 Infrastructures	Coordinateur	2011-2015
Carpe Madagascar	2009	Structure génétique de la carpe malgache	Région IdF	Coord INRA	NON
OPTIVAR	2010	Conservation optimisée de la variabilité en sélection	Ministère Agriculture	participant	NON
PARRUR	2010	Structure génétique de la carpe malgache	Ministère Affaire Etrangères	Coord INRA	2011-2013
NodaR	2010	Héritabilité de la résistance au nodavirus	AIP INRA génétique Animale	Coordinateur	2010

Thèse EGS-ABG -	2011	Thèse utilisation de l'ACV en sélection poisson	Ecole doctorale EGS-ABG	Coord. INRA	2012-2016
Bar-3D	2012	Génétique de la morphologie 3D chez le bar	France Agrimer	Coord. INRA	2012-2014
RESIST	2012	Génétique de la résistance aux maladies chez les poissons	FUI	participant	NON
RE-SIST	2012	Génétique de la résistance aux maladies chez les poissons	FUI	participant	2013-2017
FISHBOOST	2013	Amélioration génétique des 6 principales espèces de poissons en UE	UE FP7	Coord. INRA	2014-2019
Phénobass	2014	Bases génétiques de la construction de phénotypes complexes	ANR Blanc	participant	En attente
Festin	2014	Bases phénotypiques et génétiques de l'efficacité alimentaire chez les poissons	ANR défi 5	participant	En attente
AQUAEXCEL^{2020}	2014	Réseau d'infrastructures de recherche aquacole	UE H2020 Infrastructures	Coordinateur	En attente
EMBRIC -	2014	Cluster de réseaux d'infrastructures de recherches	UE H2020 Infrastructures	Coord. INRA	En attente

* participant : participation aux expérimentations et/ou responsabilité de tâches, coord. INRA : coordinateur de l'implication de l'INRA dans le projet, Coordinateur scientifique : coordinateur de la partie scientifique d'un projet FUI (la coordination officielle étant nécessairement dévolue à un industriel), Coordinateur : coordinateur de l'ensemble du projet.

7.5 Organisation de confrérences

Membre du Comité d'Organisation du IX^{e} congrès ISGA (International Symposium for Genetics in Aquaculture) – Montpellier, 26-30 juin 2006. 247 participants de 37 Pays, 77 oraux, 141 posters [gestion du mail du congrès, organisation de la sélection des abstracts et de l'établissement du programme, éditeur invité de la revue « Aquaculture » pour la publication des actes – 41 articles soumis, 24 retenus]

Membre du comité d'organisation des Journées recherche Filière Piscicole pour les éditions de 2009, 2012 et 2014 (en moyenne 200 participants – choix des thématiques et sélection des abstracts)

Membre du Steering Committee du Congrès Aquaculture Europe (2015, Rotterdam)

8 Curriculum vitae

Marc VANDEPUTTE Tél: +334 67 47 51 81 Né le 19/09/1966
8, rue Carnot Mobile : +336 82 11 55 30 Marié, 3 enfants
34690 Fabrègues marc.vandeputte@laposte.net

Adresse professionnelle :
Ifremer/INRA Tél : +334 67 13 04 07 marc.vandeputte@jouy.inra.fr
Chemin de Maguelone Fax: +334 67 13 04 58 marc.vandeputte@ifremer.fr
34250 Palavas les Flots

FORMATION----------

+ 2012 : **Doctorat en Génétique Animale**, AgroParisTech, Paris
+ 1997 **: D.E.A. de Biologie des Populations, Génétique et Ecoéthologie**, option Génétique Quantitative, INA-PG, Université de Tours, Université de Rennes
+ **1990** : **D.E.A. en Biologie Aquacole**, Université de Rennes I, Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Rennes
+ **1989** : **Ingénieur Agronome**, spécialité Productions Animales, option Aquaculture, Institut National Agronomique Paris-Grignon
+ **1984-86**: Classes préparatoires Bio Sup et Bio Spé, Lycée Hoche, Versailles
+ **1984** : Baccalauréat série C

PARCOURS PROFESSIONNEL----------

+ 2005- : **Ingénieur de Recherches** au Groupement de Recherches INRA-Ifremer « Amélioration génétique des poissons »
    - Montage et réalisation de projets de recherches (EU, Ministères)
    - Coordinateur du projet européen FP7 AQUAEXCEL (2011-2015, 12 M€)
    - Recherches sur l'estimation de paramètres génétiques, la sélection et la domestication chez le bar, la truite et la carpe.
    - Expertises sur la gestion génétique auprès de professionnels (poissons d'aquaculture, crevette, poissons d'aquarium)
    - Depuis janvier 2008, coordination nationale des recherches piscicoles INRA
+ 2000-05: **Directeur du laboratoire** INRA de Génétique des Poissons
    - Encadrement de 18 personnes dont 11 chercheurs et ingénieurs, budget de fonctionnement annuel 300 k€
    - Recherches sur l'estimation de paramètres génétiques et la sélection chez la carpe, le bar et la truite
    - Expertises sur la gestion génétique auprès de professionnels (poissons d'aquaculture, crevette, poissons d'aquarium)
+ 1996-00 **: Ingénieur de Recherches** au laboratoire INRA de Génétique des Poissons
    - Responsable de deux installations expérimentales : pisciculture de Gournay sur Aronde (salmonidés) et salle d'aquariums à Jouy-en Josas (medaka).
    - En charge du transfert des résultats de l'amélioration génétique à la profession.
    - Recherches en génétique quantitative sur la théorie de la comparaison de souches, conception et suivi de protocoles de testage (truite, carpe, bar, tilapia).

+ 1994-96 : **Animateur** du CRITT Protagoras[13]:

  - En liaison avec les professionnels et les scientifiques, définition et mise en oeuvre de programmes de recherche appliquée en aquaculture d'étangs, allant de la génétique à la transformation.
  - Montage d'un projet de ferme expérimentale axé sur la génétique du silure glane.
  - Réalisation d'expérimentations chez des professionnels.
  - Gestion administrative et financière du CRITT (250 k€/an).
  - Relations avec les professionnels et les collectivités.

+ **1992-93**: **Expert en Pêches et Aquaculture** à la Division Conjointe FAO/CEA de l'Agriculture (**UNECA**[14], Addis-Abeba, Ethiopie) dans le cadre d'un V.S.N.A. (16 mois) :

  - Evaluation des programmes de développement aquacole en Afrique (Etude SIFR: FAO, Banque Mondiale, PNUD, CEE,...),
  - Etudes générales sur la pêche et l'aquaculture en Afrique.
  - Conception du plan de développement FAO de l'aquaculture et des pêches continentales en Erythrée.
  - Missions de terrain au Zaïre, Rwanda, Burundi, Sénégal et en Erythrée.

+ 1991 : **Chargé d'études** au SNIA[15] (6 mois):

  - Réalisation de documents de synthèse sur les problèmes d'actualité du secteur de l'alimentation animale
  - Réalisation d'une étude prévisionnelle des effet de la nouvelle Politique Agricole Commune sur l'approvisionnement et les marchés de la nutrition animale.

+ 1990-91 : **Chargé d'études** au CEREOPA[16] (7 mois):

  - Participation à l'Analyse organisationnelle des filières Pêche et Aquaculture en Aquitaine, pour le Conseil Régional d'Aquitaine.
  - Réalisation d'une étude bibliographique sur les avantages comparatifs de la choline et de la betaïne en alimentation animale.

+ 1990 : Stage de DEA au Laboratoire INRA[17] de Physiologie des Poissons (7 mois) :

  - Etude des effets de l'hormone de croissance sur le développement précoce de la truite commune (suivi zootechnique, dosages RIA, histologie)

+ 1989 : Stage de fin d'études au CEREOPA (7 mois):

  - Etude d'un projet de diversification de l'agriculture par la pisciculture d'étangs en Bretagne Centrale.

AUTRES COMPETENCES----------

+ **Langues:** Anglais : lu, écrit, parlé couramment

+ **Informatique:** Word, Excel, Powerpoint, Visual Basic (VBA), SAS, VCE

+ **Autres:** Autorisation expérimentation animale niveau I (B34-437 du 19/08/2010)

---

[13] Centre Régional d'Innovation et de Transfert de Technologie comprenant des industriels de l'agro-alimentaire souhaitant développer une filière de pisciculture en étangs (Angers)
[14] Commission Economique des Nations Unies pour l'Afrique
[15] Syndicat National des Industriels de l'Alimentation Animale (Paris)
[16] Centre d'Etudes et de Recherche sur l'Economie et l'Organisation des Productions Animales (Paris)
[17] Institut National de la Recherche Agronomique (Rennes)

9 Références

Aquabreeding, 2009. *Survey on the breeding practices in the European aquaculture industry*, http://www.aquabreeding.eu/LinkClick.aspx?fileticket=Ilx9ZR26NYw%3d&tabid=98&mid=438.

Armstrong, J.B. & Schindler, D.E., 2011. Excess digestive capacity in predators reflects a life of feast and famine. *Nature*, 476(7358), 84–87.

Aubin, J. & Van der Werf, H.M.G., 2009. Pisciculture et environnement: apports de l'Analyse du Cycle de Vie. *Cahiers Agricultures*, 18, 220–226.

Baird, N.A. et al., 2008. Rapid SNP discovery and genetic mapping using sequenced RAD markers. *PLoS ONE*, 3(10), p.e3376.

Balon, E., 1995. Origin and domestication of the wild carp, *Cyprinus carpio*: from Roman gourmets to the swimming flowers. *Aquaculture*, 129, 3–48

Blanc, J.M., Chevassus, B. & Poisson, H., 1983. Utilisation de mutants "golden" comme temoins intra-lots pour le testage des performances de croissance chez la truite arc-en-ciel. *Cybium*, 7, 93–103.

Blazquez, M. et al., 1999. Sex ratios in offspring of sex-reversed sea bass and the relationship between growth and phenotypic sex differentiation. *Journal of Fish Biology*, 55, 916–930.

Breton, B., Quillet, E. & Jalabert, B., 1996. Contrôle de la reproduction et du sexe chez les poissons d'élevage. *INRA Prod.Anim.*, hors série, 17–26.

Coste, M., 1853. *Instructions pratiques sur la pisciculture, suivies de mémoires et de rapports sur le même sujet*, Paris: Librairie Victor Masson.

Delgado, C.L. et al., 2003. *Fish to 2020: supply and demand in changing global markets*, Penang, Malaysia: The World Fish Center.

Dodds, K.G. et al., 1996. Exclusion probabilities for pedigree testing farm animals. *Theoretical and Applied Genetics*, 92, 966–975.

Dominik, S. et al., 2010. Evaluation of an Atlantic salmon SNP chip as a genomic tool for the application in a Tasmanian Atlantic salmon (*Salmo salar*) breeding population. *Aquaculture*, 308, S56–S61.

Donaldson, L.R., 1968. Selective breeding of salmonoid fishes. In W. McNeil, ed. *Marine Aquaculture*. Oregon State University Press, pp. 65–74.

Doyle, R.W. & Herbinger, C.M., 1995. The use of DNA fingerprinting for high-intensity, within family selection in fish breeding. *5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 19, 364–371.

Drouilhet, L. et al., 2013. Genetic parameters for two selection criteria for feed efficiency in rabbits. *Journal of Animal Science*, 91, 3121–3128.

Drouin de Bouville, R., 1930. Une réussite carpicole: le croisement Beauvoir n 1. *Bulletin Français de la Pisciculture*, 20, 169–176.

Dupont-Nivet, M. et al., 2009. Evidence of genotype-diet interactions in the response of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) clones to a diet with or without fishmeal at early growth. *Aquaculture*, 295, 15–21.

Egset, C.K. et al., 2012. Artificial selection on allometry: change in elevation but not slope. *Journal of Evolutionary Biology*, 25, 338-348.

Embody, G.C. & Hayford, C.O., 1925. The Advantage of Rearing Brook Trout Fingerlings from Selected Breeders. *Transactions of the American Fisheries Society*, 55, 135–148.

FAO, 2007. *The state of world fisheries and aquaculture 2006*, Rome, Italy: Food and Agriculture Organisation of the United Nations.

Friars, G.W., Bailey, J.K. & Coombs, K.A., 1990. Realized responses to selection in Atlantic salmon. In *Proceedings of the 4th World Conference on Genetics Applied to Livestock Production, 1990*. Edinburgh, Scotland, pp. 159–162.

Gall, G.A.E. & Huang, N., 1988. Heritability and selection schemes for rainbow trout : body weight. *Aquaculture*, 73, 43–56.

Gao, H. et al., 2013. Statistical models for jointly analyzing multiple allometries. *Journal of Theoretical Biology*, 318, 205–209.

Geurden, I. et al., 2013. The Positive Impact of the Early-Feeding of a Plant-Based Diet on Its Future Acceptance and Utilisation in Rainbow Trout. *PLoS ONE*, 8(12), p.e83162.

Gjedrem, T., 2010. The first family-based breeding program in aquaculture. *Reviews in Aquaculture*, 2, 2–15.

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.

Gross, M.R., 1998. One species with two biologies: Atlantic salmon (*Salmo salar*) in the wild and in aquaculture. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 55 (Suppl.1), 131–144.

Haffray, P. et al., 2004. Domestication et amélioration génétique des cheptels piscicoles français dans le cadre du SYSAAF. *INRA Prod.Anim.*, 17, 243–252.

Hayes, B.J. et al., 2011. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of Dairy Science*, 92, 433–443.

Henderson, A.C.R., 1975. Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. *Biometrics*, 31, 423–447.

Herbinger, C.M. et al., 1995. DNA fingerprint based analysis of paternal and maternal effects on offspring growth and survival in communaly reared rainbow trout. *Aquaculture*, 137, 245–256.

Huang, C.M. & Liao, I.C., 1990. Response to mass selection for growth rate in *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, 85, 199–205.

ISO, 2006. *Environmental Management - Life cycle assessment - Requirements and guidelines*, Geneva: ISO.

Jackson, T., 2009. *Prosperity without growth*, London: Earthscan.

Jamieson, A., 1965. The genetics of transferrins in cattle. *Heredity*, 20, 419–441.

Jancovici, J.M. & Grandjean, A., 2006. *Le plein s'il vous plaît: la solution au problème de l'énergie*, Paris: Seuil.

Jones, A.G. & Ardren, W.R., 2003. Methods of parentage analysis in natural populations. *Molecular Ecology*, 12, 2511–2523.

Kause, A., Tobin, D., Houlihan, D.F., et al., 2006. Feed efficiency of rainbow trout can be improved through selection: Different genetic potential on alternative diets. *Journal of Animal Science*, 84, 807–817.

Kause, A., Tobin, D., Dobly, A., et al., 2006. Recording strategies and selection potential of feed intake measured using the X-ray method in rainbow trout. *Genetics Selection Evolution*, 38, 389–409.

Kinghorn, B., 1983. Genetic variation in food conversion efficiency and growth in rainbow trout. *Aquaculture*, 32, 141–155.

Kirpichnikov, V.S., 1981. *Genetic bases of fish selection*, Berlin: Springer-Verlag.

Lillehammer, M., Meuwissen, T.H. & Sonesson, A., 2013. A low-marker density implementation of genomic selection in aquaculture using within-family genomic breeding values. *Genetics Selection Evolution*, 45, 39.

Lillehammer, M., Meuwissen, T.H.E. & Sonesson, A.K., 2011. A comparison of dairy cattle breeding designs that use genomic selection. *Journal of Dairy Science*, 94, 493–500.

Mambrini, M. et al., 2004. Selection for growth in brown trout increases feed intake capacity without affecting maintenance and growth requirements. *Journal of Animal Science*, 82, 2865–2875.

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.

Moav, R. & Wohlfarth, G.W., 1976. Two way selection for growth rate in the common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Genetics*, 82, 83–101.

Navarro-Martin, L. et al., 2009. Balancing the effects of rearing at low temperature during early development on sex ratios, growth and maturation in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax*): limitations and opportunities for the production of highly female-biased stocks. *Aquaculture*, 296, 347–358.

Navarro-Martin, L. et al., 2011. DNA methylation of the gonadal aromatase (cyp19a) promoter is involved in temperature-dependent sex ratio shifts in the European sea bass. *PLoS Genet*, 7(12), p.e1002447.

Nicholas, F.W., 1980. Size of population required for artificial selection. *Genetical Research*, 35, 85–105.

Olesen, I. et al., 2003. Breeding programmes for sustainable aquaculture. *Journal of Applied Aquaculture*, 13, 179–204.

Pearson, K., 1897. Mathematical Contributions to the Theory of Evolution.--On a Form of Spurious Correlation Which May Arise When Indices Are Used in the Measurement of Organs. *Proceedings of the Royal Society of London*, 60, 489–498.

Peruzzi, S. et al., 2004. Production of meiotic gynogenetic and triploid sea bass, *Dicentrarchus labrax* L. 1. Performances, maturation and carcass quality. *Aquaculture*, 230, 41–64.

Peterson, B.K. et al., 2012. Double Digest RADseq: An Inexpensive Method for *De Novo* SNP Discovery and Genotyping in Model and Non-Model Species. *PLoS ONE*, 7(5), p.e37135.

Piferrer, F. et al., 2005. Genetic, endocrine, and environmental components of sex determination and differentiation in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.). *General and Comparative Endocrinology*, 142, 102–110.

Quinn, J.L. et al., 2012. Personality predicts individual responsiveness to the risks of starvation and predation. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 279, 1919–1926.

Randers, J., 2012. *2052- A Global Forecast for the Next Forty Years - A report to the Club of Rome commemorating the 40th anniversary of "The limits of Growth,"*Vermont, USA: Chelsea Green Publishing.

Réale, D. et al., 2007. Integrating animal temperament within ecology and evolution. *Biological Reviews*, 82, 291–318.

Réale, D. et al., 2010. Personality and the emergence of the pace-of-life syndrome concept at the population level. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 365, 4051–4063.

Ricklefs, R.E. & Wikelski, M., 2002. The physiology/life-history nexus. *Trends in Ecology & Evolution*, 17, 462–468.

Rohner, N. et al., 2009. Duplication of *fgfr1* Permits Fgf Signaling to Serve as a Target for Selection during Domestication. *Current Biology*, 19, 1642–1647.

Rutten, M.J.M., Bovenhuis, H. & Komen, H., 2005. Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture*, 246, 125–132.

Sae-Lim, P. et al., 2012. Defining desired genetic gains for rainbow trout breeding objective using analytic hierarchy process. *Journal of Animal Science*, 90, 1766-1776

Saillant, E. et al., 2002. Temperature effects and genotype-temperature interactions on sex determination in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.). *Journal of Experimental Zoology*, 292, 494–505.

Sih, A. et al., 2012. Ecological implications of behavioural syndromes. *Ecology Letters*, 15, 278–289.

Silverstein, J.T., 2006. Relationships among feed intake, feed efficiency, and growth in juvenile rainbow trout. *North American Journal of Aquaculture*, 68, 168–175.

Sutherland, T.M., 1965. The Correlation between Feed Efficiency and Rate of Gain, a Ratio and Its Denominator. *Biometrics*, 21, 739–749

Tacon, A.G.J. & Metian, M., 2008. Global overview on the use of fish meal and fish oil in industrially compounded aquafeeds: Trends and future prospects. *Aquaculture*, 285, 146–158.

Teichert-Coddington, D.R. & Smitherman, R.O., 1988. Lack of response by Tilapia nilotica to mass selection for rapid early growth. *Transactions of the American Fisheries Society*, 117, 297–300.

Teletchea, F. & Fontaine, P., 2014. Levels of domestication in fish: implications for the sustainable future of aquaculture. *Fish and Fisheries*, 15, 181–195.

Thodesen, J. et al., 1999. Feed intake, growth and feed utilization of offspring from wild and selected Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Aquaculture*, 180(3-4), 237–246.

Tyedmers, P. & Pelletier, N., 2007. Biophysical accounting in aquaculture: insights from current practice and the need for methodological development. *FAO Fisheries Proceedings*, 10, 229–241.

Villanueva, B., Verspoor, E. & Visscher, P.M., 2002. Parental assignment in fish using microsatellite genetic markers with finite numbers of parents and offspring. *Animal Genetics*, 33(1), 33–41.

Wohlfarth, G.W. & Moav, R., 1972. The regression of weight gain on initial weight in carp. I. Methods and results. *Aquaculture*, 1, 7–28.

Worm, B. et al., 2006. Impacts of Biodiversity Loss on Ocean Ecosystem Services. *Science*, 314(5800), 787–790.

10 Sélection d'articles

1. Vandeputte, M., Kocour, M., Mauger, S., Dupont-Nivet, M., De Guerry, D., Rodina, M., Gela, D., Vallod, D., Chevassus, B., Linhart, O., 2004. Heritability estimates for growth-related traits using microsatellite parentage assignment in juvenile common carp (*Cyprinus carpio* L.). Aquaculture 235: 223-236.

Première estimation d'héritabilité utilisant des pedigrees moléculaires publiée chez un poisson non-salmonidé. Mon papier le plus cité (65 Citations ISI, nov 2014).

2. Vandeputte, M., Dupont-Nivet, M., Chavanne, H., Chatain, B., 2007. A polygenic hypothesis for sex determination in the European sea bass. Genetics 176: 1049-1057.

Formalisation de l'hypothèse polygénique pour le déterminisme du sexe chez le bar – premier poisson pour le quel cette hypothèse est clairement posée – à partir de l'analyse de la distribution des sex-ratio familiaux chez 5893 individus issus d'un pedigree moléculaire. 51 citations ISI (nov. 2014)

3. Vandeputte, M., 2012. An accurate formula to calculate the exclusion power of marker sets in parentage assignment. Genetics Selection Evolution 44:36.

Une solution simple et élégante à un problème fréquent mais généralement mal identifié. La plupart des auteurs qui développent des jeux de marqueurs les évaluent au mieux par leur probabilité d'exclusion combinée (Q_3) ce qui est totalement insuffisant pour prédire leur puissance d'exclusion.

4. Daulé S., Vandeputte M., Vergnet A., Guinand B., Grima L., Chatain B., 2014. Effect of selection for fasting tolerance on feed intake, growth and feed efficiency in the European sea bass Dicentrarchus labrax. Aquaculture 420-421: S42-S49.

Ce n'est pas mon meilleur article en termes de portée des résultats obtenus. Cependant, j'en suis particulièrement fier car ce papier publié est à plus de 95% identique à ce que mon étudiante de master 2, Sophie Daulé, avait écrit à l'issue de ses 6 mois de stage. Il y a eu de nombreuses versions successives corrigées, mais elle a tout écrit elle-même sauf le paragraphe 2.1 qui correspondait à ce qui avait été fait avant le début de son stage.

5. Vandeputte M., Garouste R., Dupont-Nivet M., Haffray P., Vergnet A., Chavanne H., Laureau S., Ron T.B., Pagelson G., Mazorra C., Ricoux R., Marques P., Gameiro M., Chatain B., 2014. Multi-site evaluation of the rearing performances of 5 wild populations of European sea bass (*Dicentrarchus labrax*). Aquaculture 424-425: 239-248.

Le résultat d'un projet européen de 3 ans avec 5 partenaires privés (Competus). Première comparaison des performances des grandes populations naturelles de bar, et première publication utilisant les pedigrees moléculaires pour un testage de souche. Petits plus : les rendements de filet de de carcasse étudiés via les résidus de régression allométrique ; les écarts entre souches comparés au gain possible en une génération de sélection phénotypique.