

# GèneSea Développement et validation d'une procédure de sélection génomique chez le bar et la daurade pour améliorer la résistance à des pathologies

## COORDINATEUR INTERNATIONAL

François Allal  
Ifremer, Palavas-les-Flots  
[Francois.Allal@ifremer.fr](mailto:Francois.Allal@ifremer.fr)

## ZONE GÉOGRAPHIQUE

– France

## DURÉE-DATES

3 ans  
(janvier 2017 /  
décembre 2019)

## FINANCEMENT

Fonds Européen pour  
les Affaires Maritimes  
et la Pêche (FEAMP)

## BUDGET GLOBAL

1 267 054 €



## COORDINATEUR MARBEC

François Allal  
Ifremer, Palavas-les-Flots  
[Francois.Allal@ifremer.fr](mailto:Francois.Allal@ifremer.fr)

## THÈMES IMPLIQUÉS

– Aquacultures durables  
– Écologie évolutive  
et adaptation

## MONTANT POUR MARBEC

226 843 €



## OBJECTIFS

L'objectif général de ce projet est de poser les bases nécessaires au développement de la sélection génomique chez le bar et la daurade pour la résistance à des maladies qui représentent des menaces importantes pour ces productions au niveau européen : la nodaviose et la vibriose chez le bar, la pasteurellose chez la daurade. Un premier objectif spécifique du projet est la production de ressources génomiques : séquençage et l'assemblage du génome de la daurade, reséquençage et découverte de polymorphisme pour le bar et la daurade. Un second objectif est la création d'outils de génotypages haut-débit et haute-densité (57 000 marqueurs par espèce). L'objectif final sera le développement et le test de pipeline d'analyse de données applicable en sélection génomique.

## 6 PARTENAIRES (FRANCE)

### IFREMER

*Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer*

### UMR ISEM

*Université de Montpellier (UM) et Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS)*

### UMRS GABI, GENTYANE, GETPLAGE

*Institut National de la Recherche Agronomique (INRA)*

### SYSSAF

*Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français*

### FMD

*Ferme Marine du Douhet*

### EMG

*Écloserie Marine de Gravelines*

Photo credit: F. Allal

Ifremer-CNRS:  
Affymetrix Axiom®

57 000 marqueurs SNPs Bar

