



HAL
open science

Quelles possibilités en sélection génétique pour la résistance aux maladies ?

Marc Vandeputte, Edwige Quillet

► **To cite this version:**

Marc Vandeputte, Edwige Quillet. Quelles possibilités en sélection génétique pour la résistance aux maladies ?. 4e journées de la Recherche Filière piscicole, Jul 2014, Paris, France. 1 p. hal-01193889

HAL Id: hal-01193889

<https://hal.science/hal-01193889>

Submitted on 5 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Quelles possibilités en sélection génétique pour la résistance aux maladies ?

Vandeputte Marc ^(1,2), Quillet Edwige⁽¹⁾

¹ INRA, UMR 1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, F-78350 Jouy-en-Josas, France

² Ifremer, Chemin de Maguelone, F-34250 Palavas-les-Flots, France

Correspondance : Marc Vandeputte (marc.vandeputte@jouy.inra.fr) Tel : 33(4) 67 13 04 07

Mots clés : génétique, sélection, maladie, résistance

Contexte et objectifs

La mortalité liée à des pathologies infectieuses est un problème majeur des filières piscicoles, qui limite la rentabilité et l'efficacité environnementale de la production. Elle est classiquement combattue par de la gestion sanitaire, des méthodes prophylactiques (désinfection, vaccination) et des méthodes curatives, de plus en plus limitées. Avec le développement des programmes de sélection génétique, initialement axés sur des caractères de croissance et de qualité, se pose la question de la possibilité d'améliorer génétiquement les populations de poissons d'élevage pour la résistance aux maladies.

Etat des connaissances et approches possibles

Nous examinerons les principales questions qui se posent en pratique pour mettre en place des programmes de sélection pour la résistance aux maladies chez les poissons, en faisant le bilan des connaissances existantes et en proposant quelques pistes de réflexion compte tenu des spécificités de ce type de caractères. Les points abordés seront notamment :

- Les connaissances actuelles sur l'étendue de la variabilité génétique de la survie, qu'il s'agisse de survie générale ou de survie spécifique face à une pathologie virale, bactérienne ou parasitaire, et les liens avec d'autres caractères de production.
- Les différents types de sélection possibles : sélection massale (utilisation des survivants), sur apparentés, sélection assistée par marqueurs de zones ciblées (QTL à effet fort sur le caractère), sélection génomique, en montrant leurs avantages et inconvénients
- Les avantages et inconvénients de l'utilisation de données de terrain
- Une estimation de l'efficacité de la sélection pour la résistance aux maladies et de la rapidité d'obtention du gain génétique avec les différentes méthodes
- Un questionnement sur le choix de la sélection génétique par rapport à d'autres méthodes de contrôle des pathologies, intégrant le fait que dans la majorité des cas la résistance ne sera pas (au moins immédiatement) totale.

Conclusions et perspectives

A l'évidence, la sélection pour la résistance aux maladies est appelée à se développer en pisciculture, en particulier pour des maladies affectant la production de manière récurrente, avec des mortalités induites significatives et peu de solutions alternatives. Avec le développement des méthodes génomiques, il est probable que des marqueurs associés à des résistances aux maladies seront identifiés à court terme et pourront être introduits dans les outils déjà utilisés pour identifier le pedigree des individus. Pour autant, il est illusoire de penser que l'on pourra à court terme disposer d'animaux totalement résistants à une large gamme de pathogènes, et les choix de sélection devront le prendre en compte, dans un cadre global incluant les autres méthodes de lutte contre les pathologies.