

DETERMINISME GENETIQUE ET SELECTION GÉNOMIQUE DES CARACTÈRES DE REPRODUCTION FEMELLE CHEZ LA TRUITE ARC-EN-CIEL

J. D'Ambrosio^{1,2}, **R. Morvezen**², **A. A. Perez**³, **S. Brard-Fudulea**⁴, **A. Bestin**², **P. Haffray**², **M. Dupont-Nivet**¹, **F. Phocas**¹

¹ GABI, INRA, AgroParisTech, Université Paris-Saclay, 78 350 Jouy-en-Josas, France

² SYSAAF, Station INRA/LPGP, Campus de Beaulieu, 35 042 Rennes cedex, France

³ Viviers de Sarrance, Pisciculture Labedan, 64 490 Sarrance, France

⁴ SYSAAF Section Avicole, Centre INRA Val de Loire, 37380 Nouzilly, France

La truite arc-en-ciel est la principale espèce piscicole produite en France. Les lignées utilisées en production sont sélectionnées depuis plus de 25 ans en populations fermées. Une étude récente montre une consanguinité moyenne à forte dans les lignées commerciales françaises à partir de marqueurs génétiques (D'Ambrosio et al., 2019). Cette consanguinité peut avoir un impact négatif sur les caractères de reproduction femelle (Kincaid, 1983 ; Su et al., 1996). Il est donc important de préciser l'architecture génétique de ces caractères et de les évaluer génétiquement. Les objectifs de l'étude sont triples ; i) confirmer les premières estimations de paramètres génétiques (Bestin et al., 2018) ii) identifier les régions du génome (QTL) associées aux caractères de reproduction femelle et iii) évaluer l'efficacité de la sélection génomique (SG) basée sur une évaluation GBLUP par rapport à la sélection BLUP basée sur le pedigree des candidats. Six caractères sont étudiés : le poids de la femelle pleine à la ponte (PF), la semaine de ponte (SP), le nombre d'œufs dans la ponte ajusté pour PF (NO), le poids de la ponte ajusté pour PF (PP), le poids de l'œuf (PO) et le diamètre de l'œuf (DO).

Pour tous ces caractères, 1 346 truites de l'entreprise Viviers de Sarrance (64) ont été phénotypées. Les truites et leurs parents (87 mères et 72 pères) ont été génotypés avec la puce Axion™ Trout Genotyping contenant 57 501 marqueurs (SNP). Après contrôle de qualité, 29 799 SNPs sont retenus pour les analyses. Le pedigree des truites phénotypées, connu depuis 10 générations (15 265 individus), est considéré pour l'évaluation BLUP et l'estimation des paramètres génétiques. L'architecture génétique des caractères a été étudiée par analyse d'association pan-génomique à l'aide de différents modèles prenant en compte les effets de la cohorte d'élevage, de la période de ponte et de l'état surmature des œufs selon le caractère étudié. Les effets des QTLs ont été estimés à l'aide de régressions multi-marqueurs GBLUP ou d'approches bayésiennes de sélection de variable (BayesC π). Les précisions des prédictions BLUP et GBLUP ont été estimées par Cross Validation (40 réplicats de simulation Monte-Carlo) en séparant le jeu de données en deux (apprentissage et validation) pour deux tailles de population d'apprentissage (1078 ou 672 individus). La précision est calculée comme la corrélation entre les phénotypes corrigés pour les effets de milieu et les valeurs génétiques prédites des individus de la population de validation, divisée par l'héritabilité du caractère.

Ce travail confirme le caractère polygénique des caractères de reproduction femelle avec des valeurs estimées d'héritabilité moyenne (0,27 à 0,46) et sans QTL à effet majeur détecté. Seuls 2 QTLs expliquent plus de 2% de la variance génétique, l'un pour PF et l'autre pour PO et DO. Ces résultats suggèrent qu'une sélection assistée par marqueurs ne serait pas efficace. En revanche, la SG permet un gain de la précision de 16 % (PF) à 37 % (NO) par rapport à l'évaluation BLUP pour une population de référence de 1078 individus. Ce gain de précision reste compris entre 11 % et 40 % si la population de référence est réduite à 672 individus.

Bestin A. et al. 2018. World Aquaculture Congress, Montpellier, 26-29th August.

D'Ambrosio J. et al. 2019 Genet Sel Evol. (in press)

Kincaid H L. 1983. Aquaculture 33 (1-4):215-27.

Su GS et al. 1996. Aquaculture. 142 (3-4):139-48.

Le projet « SG-Truite » est co-financé par le FEAMP (RFEA47 0016 FA 1000016) et l'ANR (n°2017/0239).