



Appel à projets 'soutien à l'innovation' 1999
Projet terminé en décembre 2001

**Amélioration de la gestion des reproducteurs en trutticulture :
validation de l'intérêt des empreintes génétiques**

Chef de file : CIPA (Comité interprofessionnel des produits de l'aquaculture)
71 rue de Fondary - 75015 PARIS
Tél : 01 40 58 68 00 ; fax : 01 40 59 00 12 ; cdeshayes@cipaquaculture.asso.fr
Contact : Cyrille Deshayes

Partenaires : SYSAAF (Syndicat des sélectionneurs avicoles et aquacoles français)
Labogena (Laboratoire d'analyses génétiques pour les espèces animales)
INRA Jouy-en-Josas (Institut national de la recherche agronomique)

Le projet valide la faisabilité de l'utilisation des empreintes génétiques pour améliorer la gestion de la ressource génétique des sélectionneurs de truite arc-en-ciel.

■ Le génotypage a été automatisé par Labogéna et s'avère utilisable par toute entreprise dès 2002. Le succès du réassignement des 700 descendants sélectionnés issus de 1020 familles produites à partir de 182 parents a été de l'ordre de 85,7 % ce qui est comparable à la littérature scientifique. Différentes hypothèses sont émises pour tenter d'expliquer ce résultat et des travaux ont été initiés par les partenaires hors programme pour tenter d'améliorer ce résultat durant le premier semestre 2002. A partir du jeu de 7 marqueurs choisis, il est aujourd'hui possible :

- d'évaluer la variabilité génétique neutre de tout cheptel de reproducteur,
- d'introduire une gestion généalogique des reproductions dans les programmes de sélection développés par les sélectionneurs.

■ Le risque de perte de variabilité génétique en sélection conduite sur la lignée commerciale d'un sélectionneur montre que la méthode de sélection PROSPER conserve 99,6 % de la variabilité génétique initiale sur une génération, 91 pères et 79 mères étant représentés dans le noyau des descendants sélectionnés sur les 100 pères et les 82 mères fondateurs de cette génération. Certains parents s'avèrent plus représentés que d'autres. Un appariement minimisant les risques de consanguinité a été proposé par le SYSAAF au sélectionneur pour créer sa nouvelle génération de sélection durant l'automne 2001.

■ L'estimation d'héritabilité et de corrélation génétique réalisée expérimentalement par l'INRA sur 184 familles élevées ensemble dès le stade oeillé et réassignées *a posteriori* par empreintes génétiques est l'une des premières, à notre connaissance, qui permette d'estimer les paramètres génétiques de nombreux caractères d'intérêt économique dans ce type de population. Si 90 % des descendants du croisement réalisé (4 mères x 46 mâles) sont réassignés, le travail en laboratoire souligne les écueils liés à l'utilisation de cette technologie en routine. Les résultats montrent des déséquilibres de survie paternelle mais pas de disparition de pères. Les variables de taille (poids, longueurs, poids des organes) sont très moyennement hérissables tandis que les variables de Fat Meter et d'échographie sont fortement hérissables. Ces caractères sont sélectionnables dans un groupe de familles mélangées. Cependant, il semble que cette expression (et donc le succès de la sélection) soit influencée par la structure hiérarchique du groupe. Ce résultat nécessite d'être confirmé mais justifierait la recommandation suivie dans les schémas de sélection de type PROSPER, qui consiste à créer des groupes d'animaux en minimisant les effets maternels initiaux.