

AGROCAMPUS
OUEST

CFR Angers

CFR Rennes



aqualande



SYSAAF

Année universitaire : 2015-2016

Spécialité : Agronomie

Spécialisation (et option éventuelle) :

Sciences halieutiques et aquacoles
dominante : Production et Valorisation des
produits Halieutiques (PVH)

Mémoire de fin d'études

- d'Ingénieur de l'Institut Supérieur des Sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage
- de Master de l'Institut Supérieur des Sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage
- d'un autre établissement (étudiant arrivé en M2)

Paramètres génétiques et recherche de prédicteurs des caractères de ponte et de développement embryonnaire chez la truite arc-en-ciel

Par : Alexandre LEBEAU



Soutenu à Agrocampus-ouest Rennes le 14 Septembre 2016

Devant le jury composé de :

Président : LE BRIS Herve

Maître de stage : HAFFRAY Pierrick

Enseignant référent : OMBREDANE Dominique

Jury extérieur : LE ROY Pascale

Les analyses et les conclusions de ce travail d'étudiant n'engagent que la responsabilité de son auteur et non celle d'AGROCAMPUS OUEST

Ce document est soumis aux conditions d'utilisation

«Paternité-Pas d'Utilisation Commerciale-Pas de Modification 4.0 France»

disponible en ligne <http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.fr>



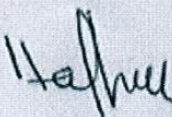
Confidentialité

Non Oui si oui : 1 an 5 ans 10 ans

Pendant toute la durée de confidentialité, aucune diffusion du mémoire n'est possible ⁽¹⁾.

Date et signature du maître de stage ⁽²⁾ :

16/09/2016



A la fin de la période de confidentialité, sa diffusion est soumise aux règles ci-dessous (droits d'auteur et autorisation de diffusion par l'enseignant à renseigner).

Droits d'auteur

L'auteur⁽³⁾ Alexandre LEBEAU

autorise la diffusion de son travail (immédiatement ou à la fin de la période de confidentialité)

Oui Non

Si oui, il autorise

la diffusion papier du mémoire uniquement⁽⁴⁾

la diffusion papier du mémoire et la diffusion électronique du résumé

la diffusion papier et électronique du mémoire (joindre dans ce cas la fiche de conformité du mémoire numérique et le contrat de diffusion)

(Facultatif) accepte de placer son mémoire sous licence Creative commons CC-BY-NC-Nd (voir Guide du mémoire Chap 1.4 page 6)

Date et signature de l'auteur :

16/09/2016



Autorisation de diffusion par le responsable de spécialisation ou son représentant

L'enseignant juge le mémoire de qualité suffisante pour être diffusé (immédiatement ou à la fin de la période de confidentialité)

Oui Non

Si non, seul le titre du mémoire apparaîtra dans les bases de données.

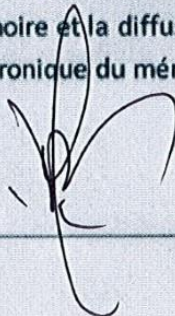
Si oui, il autorise

la diffusion papier du mémoire uniquement⁽⁴⁾

la diffusion papier du mémoire et la diffusion électronique du résumé

la diffusion papier et électronique du mémoire

Date et signature de l'enseignant :



Remerciements

Je tiens tout d'abord à remercier l'équipe du SYSAAF, Pierrick Haffray (coordinateur de la section aquacole) qui a accepté ma candidature et supervisé mon stage, Florian Enez avec qui j'ai travaillé sur le projet BestOv pour le temps qu'il a pris afin de m'expliquer et m'apprendre ce qui était nécessaire à mon travail, Anasthasia Bestin pour m'avoir appris comment fonctionnait la base de donnée du SYSAAF. Je les remercie pour leur disponibilité tout au long de ce stage.

Lors de la première partie de ce stage j'ai été encadré en partie par l'INRA, je tiens donc à remercier toute l'équipe de l'INRA LPGP, en particulier Jérôme Bugeon qui a supervisé mon travail pendant les deux premiers mois et pour le temps qu'il a pris afin de m'expliquer le fonctionnement des logiciels utilisés lors de mon stage.

Je remercie également l'entreprise Aqualande, en particulier Jérôme Doerflinger qui m'a aidé à rassembler les données nécessaires sur l'élevage des animaux expérimentaux. J'ai été très bien accueilli lorsque je suis allé à Roquefort afin de prendre des photographies de truites arc-en-ciel.

Glossaire

- 2D : 2 dimensions
- ADN : Acide désoxyribonucléique
- CV : Coefficient de variation
- FAT ou FAT2 : Adiposité musculaire du muscle dorsal intermédiaire
- Féc. Rel. : Fécondité relative
- h^2 : Héritabilité
- IC : Indice de consommation
- INRA : Institut national de la recherche agronomique
- K : Coefficient de condition
- kg : Kilogramme
- LABOGENA : Laboratoire d'analyses génétiques pour les espèces animales
- LPGP : Laboratoire de physiologie et génomique des poissons
- Nb : nombre
- Pds : Poids
- R^2 : Coefficient de détermination
- Rés. : résidu(s)
- Rg : Corrélations génétiques
- RGS : Rendement gonado-somatique
- SE : Erreur standard
- SYSAAF : Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français
- Tot. : Total
- VCE : Variance Components Estimation

Table des matières

| | |
|--|----|
| Remerciements | i |
| Glossaire | ii |
| Liste des figures | v |
| Liste des tableaux | vi |
| Introduction..... | 1 |
| Matériel et méthode | 4 |
| I] Elevage des animaux expérimentaux..... | 4 |
| II] Biométries et acquisition des données | 6 |
| III] Traitement des photographies..... | 8 |
| 1) Récupération des coordonnées 2D | 8 |
| 2) Tests de corrélations entre les grandeurs morphométriques et les caractères de reproduction..... | 9 |
| 3) Recherche de prédicteurs morphologiques des caractères de reproductions | 10 |
| IV] Assignation de parenté | 11 |
| V] Traitements génétiques | 11 |
| VI] Estimation des gains génétiques potentiels et des réponses corrélatives | 13 |
| Résultats..... | 16 |
| I] Assignation de parenté | 16 |
| II] Performances phénotypiques | 16 |
| III] Formation de lots extrêmes et morphotypes | 17 |
| IV] Héritabilités et corrélations génétiques | 19 |
| 1) Calcul des résidus | 20 |
| 2) Paramètres génétiques, évolution du poids et du coefficient de condition..... | 20 |
| 3) Paramètres génétiques, évolution de l'adiposité musculaire..... | 21 |
| 4) Paramètres génétiques, caractères de reproduction..... | 22 |
| 5) Paramètres génétiques, entre les performances de croissance et les caractères de reproduction..... | 23 |
| 6) Paramètres génétiques, entre les critères de reproduction, l'adiposité musculaire et les échographies | 24 |
| 7) Paramètres génétiques, entre les critères de reproduction et le coefficient de condition.. | 25 |
| V] Gains et réponses corrélative | 25 |
| 1) Estimation des gains génétiques | 25 |
| 2) Impact d'une sélection de croissance sur les performances de reproduction | 26 |
| 3) Impact d'une sélection sur l'adiposité musculaire sur les performances de reproduction.. | 27 |
| 4) Impact d'une sélection sur le coefficient de condition et la profondeur de la cavité abdominale sur les performances de reproduction..... | 28 |

| | |
|---|----|
| 5) Impact d'une sélection sur les caractères de reproduction sur les performances de reproduction..... | 29 |
| Discussion..... | 31 |
| Conclusion et perspectives..... | 35 |
| Bibliographie..... | 36 |
| Annexe I : Aliment Neo Le Gouessant | 38 |
| Annexe II : Définition des points remarquables | 39 |
| Annexe III : Tableaux répertoriant les gains des caractères de ponte pour différents types de sélections..... | 40 |
| Annexe IV : Résultats de l'analyse discriminante sur le caractère poids d'un œuf..... | 42 |
| Annexe V : Résultats de l'analyse discriminante sur le caractère de la fécondité relative | 44 |

Liste des figures

| | |
|--|----|
| Figure I : Truite arc-en-ciel vue latérale droite (<i>Oncorhynchus mykiss</i>) | 1 |
| Figure II : Evolution du poids moyen au cours de l'élevage | 5 |
| Figure III : Evolution de la température moyenne au cours de l'élevage | 5 |
| Figure IV : Graphique du suivi de la distribution d'aliment et de l'indice de consommation | 6 |
| Figure V : Illustration des 28 points repères saisis manuellement sur visilog® | 8 |
| Figure VI : Illustration des 6 points calculés | 9 |
| Figure VII : Hauteurs d'intérêts calculées à partir des coordonnées des points repères | 9 |
| Figure VIII : Longueurs d'intérêts calculées à partir des coordonnées des points repères | 10 |
| Figure IX : Principe de la sélection monocaractère | 14 |
| Figure X : Représentation de la corrélation entre la hauteur du ventre rapportée à la hauteur du poisson et la fécondité relative (x1000) | 18 |
| Figure XI : Différences morphologiques des individus extrêmes sur le caractère fécondité relative... .. | 18 |
| Figure XII : Analyse discriminante de lots extrêmes sur la fécondité relative | 19 |
| Figure XIII : Validation croisée en parallèle de l'analyse discriminante sur la fécondité relative | 19 |
| Figure XIV : Comparaison des héritabilités (+SE) des caractéristiques et leurs résidus..... | 20 |
| Figure XV : Evolution des héritabilités (+SE) du poids..... | 21 |
| Figure XVI : Gain (en %) des caractères de reproduction pour une sélection massale ou généalogique à différents poids compris entre le marquage et la ponte avec une pression de 3%..... | 27 |
| Figure XVII : Gain (en %) des caractères de reproduction pour une sélection massale ou généalogique sur une de trois mesures d'adiposité musculaire avec une pression de 10%..... | 28 |
| Figure XVIII : Gain (en %) des caractères de reproduction pour une sélection massale ou généalogique sur les différentes mesures de coefficients de condition et de profondeur de la cavité abdominale avec une pression de 3% | 29 |
| Figure XIX : Gain (en %) des caractères de reproduction pour une sélection généalogique sur collatéraux sur les caractères de reproduction avec une pression de 30%..... | 30 |
| Figure XX : Analyse discriminante de lots extrêmes sur la taille d'un œuf | 42 |
| Figure XXI : Validation croisée en parallèle de l'analyse discriminante sur la taille d'un œuf | 42 |

Liste des tableaux

| | |
|--|----|
| Tableau I : Dates des chantiers de mesures..... | 4 |
| Tableau II : Pressions de sélections applicables en fonction du type de sélection effectuée..... | 14 |
| Tableau III : Tableau récapitulatif des intensités de sélection en fonction de la pression de sélection..... | 14 |
| Tableau IV : Résultats de l'assignation de parenté réalisée par Labogena (n=2057)..... | 16 |
| Tableau V : Statistiques descriptives des caractères de reproduction..... | 16 |
| Tableau VI : Statistiques descriptives des caractéristiques de croissance (poids, adiposité musculaire, K et échographies)..... | 17 |
| Tableau VII : Evolution des héritabilités (+SE), corrélations génétiques (+SE) et corrélations phénotypiques du poids et du coefficient de condition avec les héritabilités en diagonale, les corrélations phénotypiques sous la diagonale et les corrélations génétiques au dessus de la diagonale | 21 |
| Tableau VIII : Evolution de l'héritabilité (+SE) et des corrélations génétiques (+SE) de l'adiposité musculaire avec les héritabilités en diagonale, les corrélations phénotypiques sous la diagonale et les corrélations génétiques au dessus de la diagonale..... | 22 |
| Tableau IX : Héritabilités (+SE), corrélations génétiques (+SE) et phénotypiques des caractères de reproduction avec les héritabilités en diagonale, les corrélations phénotypiques sous la diagonale et les corrélations génétiques au dessus de la diagonale | 22 |
| Tableau X : Héritabilités (+SE) et corrélations génétiques (+SE) des poids et des caractères de reproduction avec les héritabilités en diagonale, les corrélations phénotypiques sous la diagonale et les corrélations génétiques au dessus de la diagonale | 23 |
| Tableau XI : Héritabilités (+SE) et corrélations génétiques (+SE) et phénotypiques des caractères de reproduction, d'adiposité musculaire et de la profondeur de la cavité abdominale avec les héritabilités en diagonale, les corrélations phénotypiques sous la diagonale et les corrélations génétiques au dessus de la diagonale | 24 |
| Tableau XII : Héritabilités, corrélations génétiques et phénotypiques des caractères de pontes et des coefficients de condition avec les héritabilités en diagonale, les corrélations phénotypiques sous la diagonale et les corrélations génétiques au dessus de la diagonale | 25 |
| Tableau XIII : Gains génétiques (+SE) des caractères de croissance, d'adiposité musculaire, coefficient de condition et des échographies par sélection massale ou généalogique sur candidat..... | 25 |
| Tableau XIV : Gains génétiques (+SE) des caractères de reproductions pour une sélection généalogique sur collatéraux avec une pression de sélection de 30% | 26 |
| Tableau XV : Réponses (en unités phénotypiques) des caractères de ponte pour une sélection sur la croissance..... | 40 |
| Tableau XVI : Réponses (en %) des caractères de ponte pour une sélection sur la croissance..... | 40 |
| Tableau XVII : Réponses (en unités phénotypiques) des caractères de ponte pour une sélection sur l'adiposité musculaire..... | 40 |
| Tableau XVIII : Réponses (en %) des caractères de ponte pour une sélection sur l'adiposité musculaire | 40 |
| Tableau XIX : Réponses (en unités phénotypiques) des caractères de ponte pour une sélection sur la morphologie (K et E8/E23) | 41 |
| Tableau XX : Réponses (en %) des caractères de ponte pour une sélection sur la morphologie (K et E8/E23) | 41 |
| Tableau XXI : Réponses (en unités phénotypiques) des caractères de ponte pour une sélection sur les caractères de reproduction..... | 41 |
| Tableau XXII : Réponses (en %) des caractères de ponte pour une sélection sur les caractères de reproduction..... | 41 |

Introduction

La filière trutticole a une grande importance dans l'aquaculture française. Elle est à la fois majoritaire et il existe une très grande gamme de produits qui peuvent être créés à partir d'une seule et même espèce. En effet, la chair de truite peut être vendue de différentes façons. En général, le consommateur achète des truites portion ou de la truite en filet (800g à 1.5kg), tandis que les industriels et transformateurs préfèrent de la grande truite (3kg à 4kg) pour la production de truite fumée. La truite fumée est également très demandée par les consommateurs en substitution au saumon fumé. Il est donc très intéressant pour les aquaculteurs de sélectionner leurs animaux sur le rendement en chair, afin d'améliorer l'efficacité économique du système de production. L'autre particularité de l'élevage de truites est la possibilité de valoriser les œufs non fécondés (ovocytes) et embryons. Les œufs embryonnés sont destinés à la production d'alevins, alors que la production d'ovocytes est destinée à la consommation humaine sous forme de caviar de truite.



Figure 1 : Truite arc-en-ciel vue latérale droite (*Oncorhynchus mykiss*)

Il existe de nombreux caractères de reproductions sur lesquels la sélection est possible, que ce soit pour la production d'œufs destinés au caviar (nombre, taille, couleur) ou pour la production de juvéniles (nombre et taille des œufs, nombres d'œufs par kg de femelle, % de malformation, % de résorption, % d'éclosion). Il est donc possible de sélectionner les animaux de façon à ce que les femelles pondent plus d'œufs par kg de femelle, sachant que l'aliment distribué dépend du poids des individus. Cela aurait donc un intérêt économique. Tandis que la taille des œufs est un facteur qualitatif car il est associé à une meilleure survie précoce (post-résorption). La sélection d'individus sur ces caractères permettrait donc d'améliorer l'efficacité économique et environnementale des écloséries et des ateliers de transformation en augmentant le nombre d'œufs produits par kg d'aliment distribué. Si moins d'aliment est utilisé, cela signifie moins de pollution et moins de dépenses pour un nombre d'œufs produits constants. Même si la truite est une espèce très féconde (1500 à 2500 œufs par kg poids vif), un gain de 10% par génération en nombre d'œufs par kg de femelle représenterait à l'échelle de la filière un gain cumulatif de 25 millions d'œufs embryonnés (50 euros / 1000 soit 125 000 euros par génération) ou 20 tonnes de caviar par an et par génération de sélection (SCEES, 2007).

Le projet BestOv (soutenu par France Agrimer) dans le cadre duquel cette étude est menée, est coordonné par le SYSAAF avec comme partenaires l'INRA et les entreprises de sélection Les Sources de l'Avance (groupe Aqualande, 40) et Viviers de Sarrance (64). Ce projet a pour objectif de disposer des informations génétiques et d'outils (marqueurs,

ultrasons) pour accompagner la mise en place d'une sélection éventuelle sur les caractères de reproduction femelle et de qualité des œufs pour améliorer la productivité de la filière au niveau des écloséries, de l'élevage et des ateliers de production de caviar. Les questions posées lors de la mise en place de ce projet étaient premièrement, de savoir s'il était possible de prédire quels animaux seraient les plus féconds, et deuxièmement de savoir s'il existe un lien entre morphologie et la fécondité des femelles. De nombreux acteurs de la filière truite et même de l'aquaculture en général s'interrogent sur l'évolution de la morphologie des animaux en sélectionnant sur la croissance et le filet pour répondre à la diversification de la filière vers des grandes truites destinées au fumage. Puisque même s'il est économiquement intéressant d'augmenter la proportion de filet, il est important de ne pas altérer l'intégrité physique et physiologique des animaux (Nguyen et al. 2010). Les lignées de truites françaises présentent-elles une variabilité génétique sélectionnable pour des performances de reproduction femelle ? Pourrait-on utiliser des prédicteurs indirects de performance de reproduction pour accélérer la sélection qui serait réalisée directement sur des candidats et non pas sur des collatéraux ? La sélection et/ou sur les rendements de découpe a-t-elle déjà eu ou aura-t-elle un impact sur les performances de reproduction ?

En sélection les investissements se basent sur les paramètres génétiques (héritabilités et corrélations génétiques) afin d'estimer le progrès génétique potentiel ainsi que l'évolution de performance d'autres caractères. Des publications scientifiques dans lesquelles des paramètres génétiques de caractères de reproductions existent déjà pour la truite (Gall 1975; Gall and Gross 1978; Gall, Baltodano, and Huang 1988; Gjedrem, Haus, and Halseth 1986; Gjerde 1986; Huang and Gall 1990; Gall and Neira 2004; Su, Liljedahl, and Gall 1997). D'après ces publications les caractères de reproduction se révèlent avoir des héritabilités faibles à moyennes ; Nombre d'œufs (0,13 à 0,67), taille d'œuf (0,05 à 0,60), nombre d'œufs/kg de femelle (0,20). Les taux d'embryonnement et d'éclosion présentent des héritabilités très faibles à nulles de 0,08 et 0,13 (Kanis, Refstie, and Gjedrem 1976; Su, Liljedahl, and Gall 1997) alors que celle de la survie au stade alevin est nulle (Kanis, Refstie, and Gjedrem 1976). Les taux de fécondation présentent également des héritabilités variables allant de 0,09 à 0,40 (Gall and Gross 1978). Des corrélations génétiques entre caractères de ponte ont été estimées. Les corrélations génétiques entre le volume d'œufs collectés et leur nombre sont positives à forte (0,77 à 0,98), entre le volume d'œufs collectés et la taille des œufs elles sont nulles à négatives (0,04 à -0,59) et elles sont nulles à intermédiaires entre la taille et le nombre d'œufs (0,01 à 0,45) (Gall 1975; Gall and Gross 1978). Des corrélations génétiques entre le poids à la ponte et des caractères de reproduction ont également été estimées (Gall 1975; Gall and Gross 1978; Huang and Gall 1990). Elles sont faibles à moyennes mais positives entre le poids à la ponte et le volume d'œufs (0,29 à 0,87), modérées à élevées mais négatives entre le poids à la ponte et la taille des œufs (-0,34 à -0,51) ainsi que fortement négative entre le poids à la ponte et la fécondité relative (nombre d'œufs / kg de femelle) (-0,61).

Ces héritabilités montrent qu'il y a un potentiel de sélection. Les corrélations négatives entre le poids à la ponte et certains caractères de reproduction posent question et doivent être estimées pour les populations françaises. De plus, aucune de ces études n'a pour l'instant tenté d'identifier des prédicteurs morphologiques dans le but de sélectionner la truite arc-en-ciel sur ces caractères de reproduction.

Ces travaux indiqueraient aussi que la sélection sur la croissance devrait réduire progressivement la fécondité des femelles et donc à terme potentiellement la rentabilité des écloséries. Ce résultat antérieur interroge aussi sur l'opportunité ou la nécessité d'initier des lignées sélectionnées sur des caractères femelles ou sur l'intégration de ces caractères dans les lignées existantes.

Par contre, des travaux ont déjà été menés afin d'étudier le lien entre la morphologie et le rendement en chair chez différentes espèces. Le projet Fild'Or dont le but était pour la daurade royale (*Sparus aurata L.*), d'évaluer les paramètres génétiques des caractères de qualités, d'étudier l'interaction génotype/environnement entre un élevage protégé

sanitairement et un élevage en mer ainsi que d'estimer l'impact d'une sélection potentielle sur le rendement au filetage sur l'amélioration de l'efficacité écologique.

Les objectifs du projet BestOv sont :

- D'estimer les paramètres génétiques de caractères de ponte et de développement embryonnaire et la répétabilité de ces performances entre pontes successives.
- D'estimer les corrélations génétiques (truite) entre ces caractères de ponte et de développement précoce avec la croissance, la morphologie et le niveau des réserves adipeuses (dont le rendement à l'éviscération)
- D'identifier des marqueurs de qualité des œufs et de développement embryonnaire.

L'objectif de ce stage est dans un premier temps de déterminer et de mesurer différentes grandeurs morphométriques sur 1835 photographies (images 2D) d'individus d'une lignée commerciale de l'entreprise Les Sources de l'Avance. L'ensemble des performances et des images avaient été collectées avant le début de mon stage. Puis nous avons regardé grâce aux mesures effectuées à partir des images 2D les mesures qui paraissaient pertinentes afin de prédire la fécondité et la taille des œufs des individus par régression phénotypique simple ou multiple. Enfin nous avons estimé la variabilité génétique sélectionnable (héritabilité) ainsi que les corrélations génétiques entre caractères de production (croissance, rendements d'éviscération et d'adiposité de la chair) et de reproduction. Les études menées antérieurement sur le sujet ont été réalisées sur 1 à 3 populations américaines avec première ponte à deux ans, dirigées par une seule université américaine. Ces études ont été menées il y a 40-50 ans, les aliments ont changé, les techniques d'élevage ont évolué. C'est pour cela qu'un des objectifs était aussi d'évaluer la variabilité génétique d'une lignée commerciale d'une entreprise de sélection française, leader mondial de la production d'œufs de truite arc-en-ciel (500 millions d'œufs embryonnés sur un marché estimé de 2 à 3 milliards).

Compte tenu de la complexité des travaux réalisés et des objectifs ambitieux du stage, la partie sur le développement embryonnaire n'a pas pu être traitée.

Matériel et méthode

I] Elevage des animaux expérimentaux

La sélection des truites a été réalisée par Les Sources de l'Avance qui est une filiale du groupe Aqualande situé à Roquefort dans les Landes. Les animaux ont été créés au centre de sélection de Pissos (40) puis transférés à Belin-Beliet (40) pour leur grossissement. Le lot de cette étude est issu de la neuvième génération de sélection de la lignée A. La fécondation a eu lieu le 6 février 2014. 600 familles ont été créées à partir de 10 croisements semi-factoriels de 6 mères x 10 pères. Elles ont été élevées ensemble, de façon mélangé, jusqu'à un poids de 5 à 10 g avant d'être envoyées sur la pisciculture de Belin-Beliet.

Les individus ont été marqués (n = 2100) le 22 Octobre 2014 individuellement par transpondeur RFID, soit 9 mois après fécondation. Lors de ce chantier, leur ADN a été prélevé et leur poids et leur longueur ont été mesurés. Les individus ont été marqués à l'aide d'un transpondeur qui leur a été injecté au niveau du dos par une seringue (entre la tête et la nageoire dorsale). Le prélèvement d'ADN est nécessaire afin de réaliser une assignation de parenté pour disposer du pédigrée des animaux. Cette assignation est réalisée par empreinte génétique grâce à Labogena (laboratoire de génotypage d'animaux domestiques). Cela consiste à prélever pour chaque individu un morceau de nageoire pectorale.

Les animaux marqués ont été mesurés lors de différents chantiers répertoriés dans le tableau I jusqu'à la ponte à 22 mois après fécondation.

Tableau I : Dates des chantiers de mesures

| | Date | Mois | Année | Mois après fécondation |
|----------------------------------|-----------------------------|-----------------------|-------|------------------------|
| Fécondation | 06/02/2014 | Février | 2014 | 0 mois |
| Marquage et biométrie | 22/10/2014 | Octobre | 2014 | 9 mois |
| 2ème biométrie | 26/05/2015 | Fin Mai | 2015 | 16 mois |
| Photos | 06/07/2015 | Juillet | 2015 | 17 mois |
| 3ème biométrie | 22/09/2015 | Septembre | 2015 | 20 mois |
| 4ème biométrie à la ponte | 05/10/2015 au 10/11/2015 | Octobre - Novembre | 2015 | 22 mois |

Le lot n'est constitué que de femelles puisque l'étude se base sur les caractères de reproduction femelle. Ces femelles constituent alors ce que l'on appelle un « lot témoin », élevé sans tri ni pression de sélection.

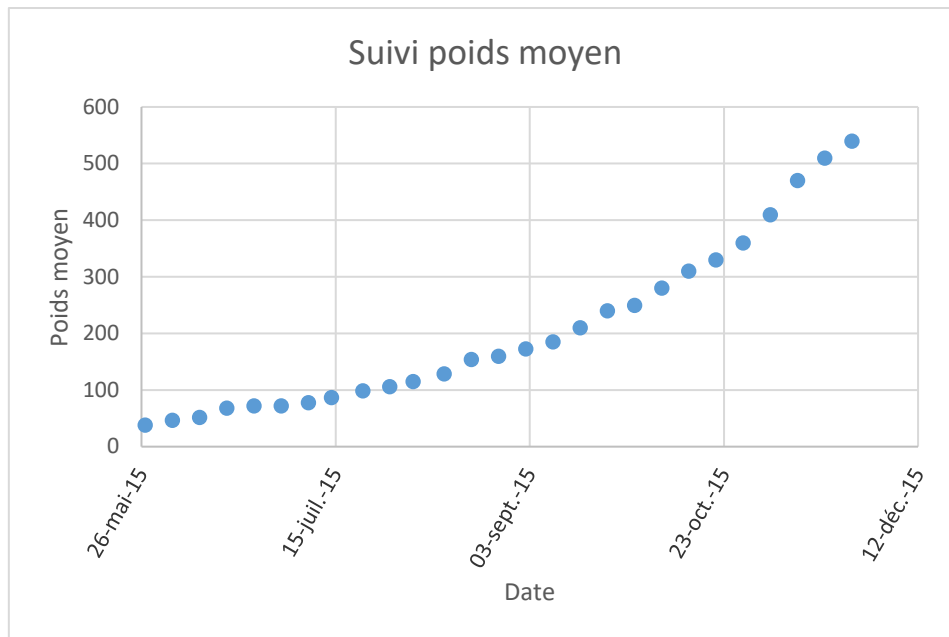


Figure II : Evolution du poids moyen au cours de l'élevage

Les truites ont été élevées dans des bassins de 22 à 55 m³ dans lesquels les températures d'eau ont varié de 7,3°C à 18,2°C. Le taux de mortalité entre le 27 Mai 2015 et la ponte a été estimé à 8,6% de la population totale initiale, soit 181 individus sur les 2100 individus marqués. D'un point de vue sanitaire, il y a eu un traitement au peroxyde

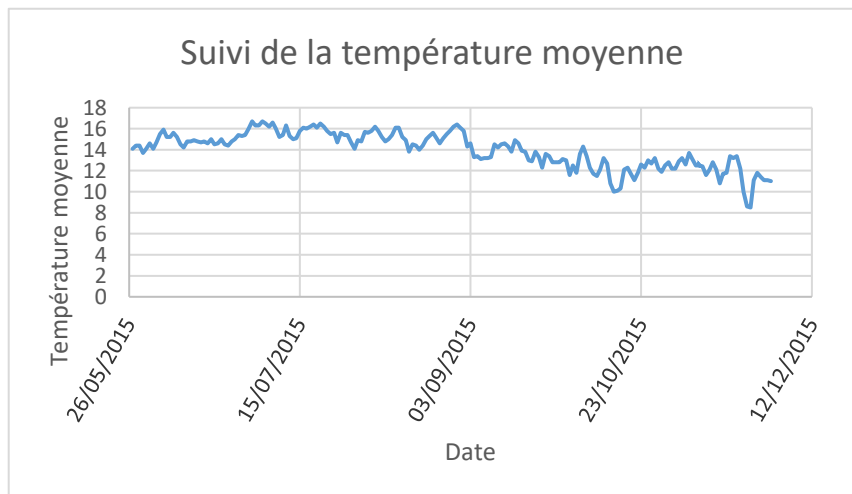


Figure III : Evolution de la température moyenne au cours de l'élevage

d'hydrogène hebdomadaire et le seul vaccin administré aux truites était un autovaccin aeromonas + yersiniose (Biovac) par baignade. 125 ml d'autovaccin pour 25 litres d'eau pendant 30 secondes pour traiter 187,5 kg d'alevins. Un début d'entérite s'est développé durant l'été, ce qui a entraîné une mise à jeun des truites qui a stoppé les mortalités.

Lors de l'élevage, les truites ont changé successivement trois fois d'alimentation. Lorsque le poids moyen des individus était de 38,5g les truites étaient nourries avec de l'aliment Le Gouessant, neo 19 de 4 mm de diamètre. Puis lorsqu'elles atteignent les 170g l'alimentation a été modifiée par de l'aliment neo 20 de 5 mm de diamètre, puis à 180g l'alimentation est passée à du neo 19 de 5 mm de diamètre. Pour finir à partir de 540g les truites ont été nourries avec du neo 20 de 7 mm de diamètre. L'aliment neo 19 et neo 20 n'ont pas exactement le même profil nutritionnel, ils possèdent respectivement 40% et 39% de protéines, 23% et 27% de lipides, 2,4% et 2,3% de cellulose (Annexe I). L'indice économique de consommation alimentaire est de 1,2 si l'on ne prend pas en compte celui de la cinquième semaine extrêmement faible à cause du jeun qu'on subit les truites pendant l'entérite estivale.

Le gain de poids journalier des poissons marqués est de 7,4 g/jour, soit 19,30% du poids initial (38,5g).

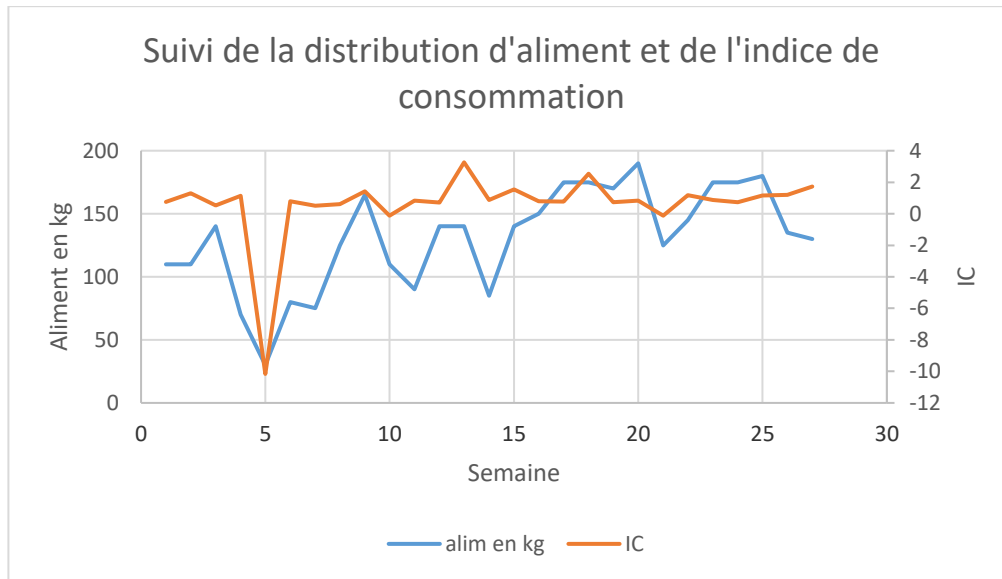


Figure IV : Graphique du suivi de la distribution d'aliment et de l'indice de consommation

II] Biométries et acquisition des données

Dans le cadre de cette étude, le but est de mesurer les caractères de reproduction afin de pouvoir les comparer et les étudier en fonction d'autres paramètres morphologiques ou physiologiques. Les animaux doivent donc rester vivants lors des chantiers de mesures. Ils ont donc été anesthésiés avec de l'eugénol mélangé à 50% avec du polysorbate. 20 à 25 ml de mélange pour 2000 L d'eau en balnéation. La dose est ensuite adaptée à la durée de la biométrie et à la réaction des poissons. Même anesthésiés, les truites ne sont pas pour autant immobiles, ce qui complique la tâche pour la prise des photos qui sont donc prises à part en Juin lors d'un chantier supplémentaire.

Comme écrit précédemment, les mesures ont été relevées lors de trois biométries (Chantiers de mesures). Lors des chantiers de Mai et Septembre, les mêmes caractéristiques seront suivies et mesurées : le poids, la longueur, échographie 8, échographie 23 et le gras du muscle dorsal intermédiaire (Fat2). Les échographies E8 et E23 représentant la profondeur de la cavité abdominale. Les photographies utilisées par la suite ont été prise en Juillet 2015 17 mois après fécondation. En Octobre, lors de la ponte, d'autres caractères en lien avec la reproduction seront mesurés. Un échantillon d'œufs de 14 g de moyenne est collecté et son poids ainsi que le nombre d'œufs le constituant sont relevés par individus. Cela nous permettra par la suite de calculer le poids d'un œuf, qui sera l'une de nos caractéristiques de reproduction. Le poids des individus après ponte ainsi que le poids des œufs collectés est récupéré.

Certains caractères tels que les résidus ou les coefficients de condition ont été calculés à partir des données mesurées lors des biométries. Le coefficient de condition est défini par le rapport entre le poids et la taille du poisson. Il donne un aperçu de la morphologie des individus, s'ils sont plus allongés ou plus trapu.

$$K = \frac{P}{L^3}$$

Avec P : le poids et L : la longueur.

Lors de cette étude les résidus de certaines caractéristiques ont été calculés. Le but étant de s'affranchir du biais que pourrait apporter le poids. Les résidus ont été calculés à partir de la formule suivante :

$$\text{Résidus de la caractéristique} = \text{caractéristique} - (\alpha + \beta * \text{poids})$$

Avec α et β qui sont les coefficients de la régression linéaire de la caractéristique en fonction du poids.

Lors des chantiers, les différentes tâches à effectuer sont réparties par postes auxquels sont placés les acteurs participants à la biométrie. Dans le cas présent, il y a eu trois types de biométries différents ainsi que la prise de photographies.

1^{er} type de biométrie (Marquage en Octobre 2014, 9 mois après fécondation) :

- Relevé du poids
- Prélèvement ADN

2^{ème} type de biométrie (Mai et Septembre 2015, respectivement 16 et 20 mois après fécondation) :

- Pesée du poids vif
- Mesure de la longueur
- Echographies
- Mesure du Fat2

3^{ème} type de biométrie (Ponte en Octobre 2015, 21 mois après fécondation) :

- Pesée de l'individu avant ponte
- Mesure de la longueur
- « Stripping » (récupération des œufs)
- Pesée de l'individu après ponte
- Pesée des œufs
- Réalisation d'un échantillon d'œuf
- Pesée de l'échantillon
- Mesure du Fat2

En dehors de la chaîne, le nombre d'œufs par échantillons est compté et l'état d'avancement des ovules est répertorié. La mesure du Fat 2 est une estimation de la teneur en lipides des filets estimée grâce au Torry Fish Fat Meter (Douirin et al. 1998) prise à une position bien précise sur le côté gauche. La mesure est une estimation car il faudrait mesurer des deux côtés du poisson afin d'avoir une valeur plus juste, mais les manipulations précédentes et la mesure du 1^{er} côté biaise la valeur. La ponte ayant lieu durant le mois d'Octobre, la semaine de ponte des individus a également été ajoutée aux données.

La saisie des données de traçabilité et de performances est automatisée et envoyée dans la base de données INFAQUA d'Aqualande. Afin d'avoir un suivi des individus au niveau de leur performances, ils sont identifiés en entrée de chaîne grâce au transpondeur électronique qui leur avait été implanté en Octobre 2014. Lors de la prise des photographies en Juillet 2015, chaque individu a été suivi. Avant la prise de la photo, leur transpondeur était lu et lié à leur ordre de passage sur la base de données INFAQUA d'Aqualande. Cet ordre de

passage est également présent sur la photo via un papier numéroté et informatiquement dans le nom des fichiers photos. Cela permet d'assurer une bonne traçabilité.

Au final, les caractères de reproduction mesurés et calculés dans l'étude sont le poids total d'œufs, le poids d'un œuf, la fécondité relative (nombre d'œufs/kg de ♀), le rendement gonado-somatique (poids des gonades/poids de l'individu) et E8/E23 (rapport de l'épaisseur du muscle abdominal sur la profondeur de la cavité abdominale). Le rapport des échographies est fortement corrélé génétiquement au rendement éviscération (0,93) (Haffray et al. 2013). Il traduit donc la morphologie de la cavité abdominale et permet d'estimer l'importance du volume relatif de la cavité abdominale (et donc l'adiposité viscérale) de façon non létale.

III] Traitement des photographies

1) Récupération des coordonnées 2D

Les individus ont été photographiés à l'aide d'un appareil photo numérique (Canon EOS 1000D, 3888x2592 pixels au format jpeg et CR2) transférant directement les images sur un ordinateur. Les traitements qui suivent ont été réalisés à partir des fichiers jpeg.

Afin de pouvoir traiter les images 2D, la première étape consistait à obtenir les coordonnées 2D de 28 points repères. Ces points repères ont été déterminés en fonction de l'aisance de leur repérage, afin de simplifier leur saisie manuelle, ainsi que de l'intérêt potentiel qu'ils ont du point de vue des grandeurs morphométriques. La saisie manuelle de ces points repères est réalisée à grâce au logiciel d'analyse et de traitement d'image Visilog®. Les coordonnées obtenues permettront par la suite de calculer et définir différentes variables d'intérêt afin de regarder si la morphologie est liée aux données récupérées lors des biométries (définition des points en annexe II).

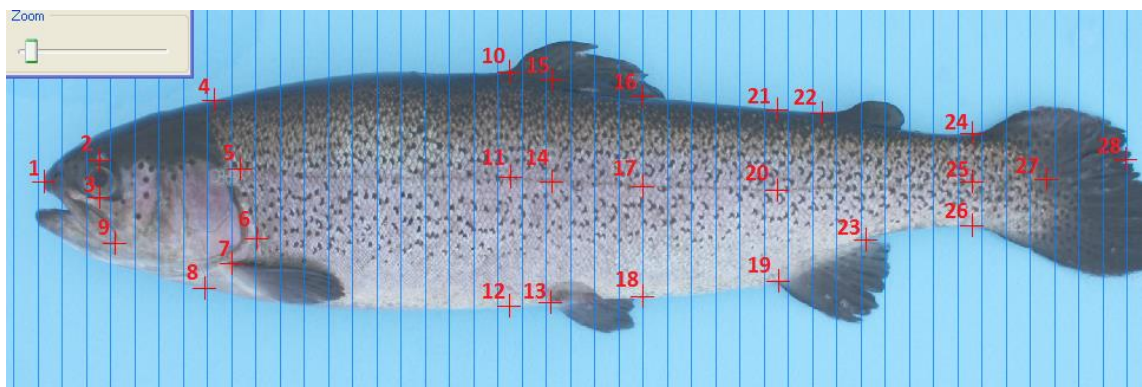


Figure V : Illustration des 28 points repères saisis manuellement sur visilog®

Une fois les points placés sur l'image, le logiciel renvoie un fichier excel contenant les coordonnées X et Y pour chacun des points sélectionnés ainsi que le numéro d'identification de l'individu. Les coordonnées renvoyées par le logiciel étant en pixels, une conversion des données de ce fichier en centimètres est donc nécessaire.

En plus des 28 points repères saisis manuellement, six points supplémentaires ont été calculés. Les points 11, 14, 17, 20 et 25 étant situés sur la ligne latérale des individus, des

points ont été calculés au croisement des droites verticales passant par les points (10 ; 12), (13 ; 15), (16 ; 18), (19 ; 21) et (24 ; 26) avec la droite passant par le point 27 et un point 29 calculé au milieu des points 2 et 3.

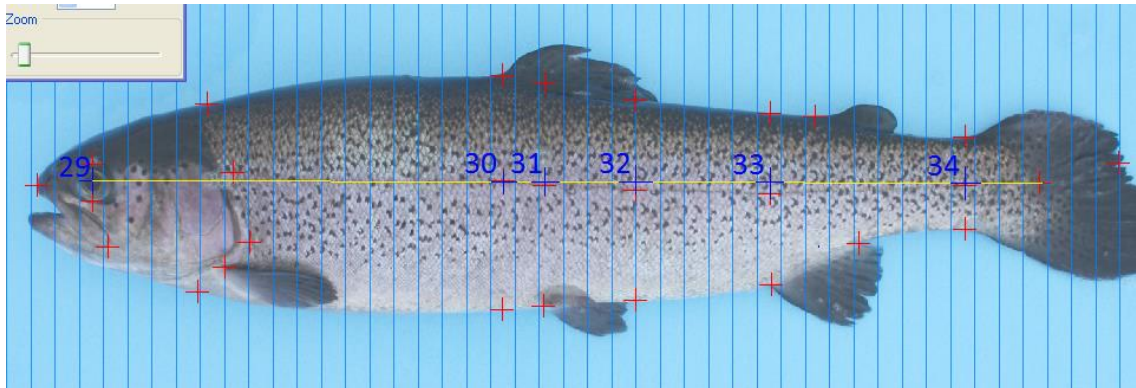


Figure VI : Illustration des 6 points calculés

Les coordonnées de ces points ont été calculées à partir des coordonnées des autres points récupérées via Visilog® grâce à des calculs d'intersection d'équations de droites.

2) Tests de corrélations entre les grandeurs morphométriques et les caractères de reproduction

Une fois les coordonnées récupérées, des grandeurs morphométriques d'intérêt ont été déterminées. Ces grandeurs correspondent à des hauteurs et des longueurs calculées avec la formule de distance entre deux points avec $(x_A ; y_A)$ les coordonnées du point A et $(x_B ; y_B)$ les coordonnées du point B :

$$d = \sqrt{(x_B - x_A)^2 + (y_B - y_A)^2}$$

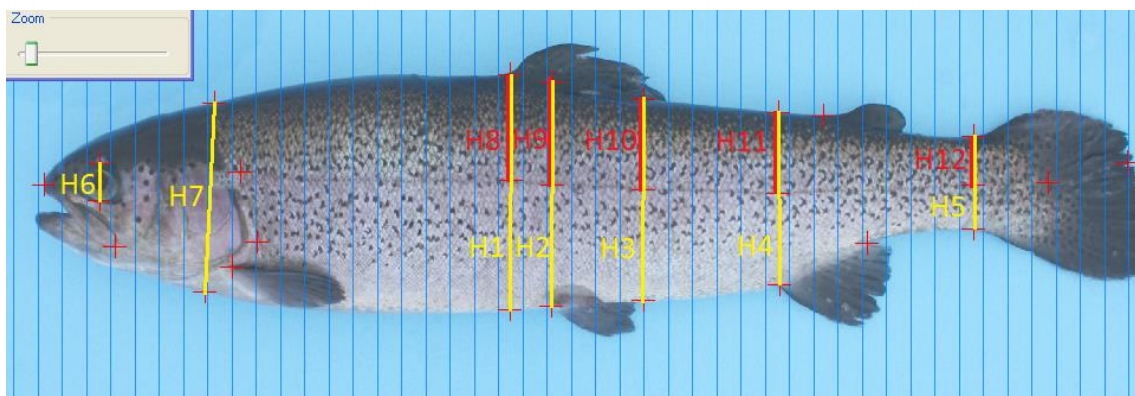


Figure VII : Hauteurs d'intérêts calculées à partir des coordonnées des points repères

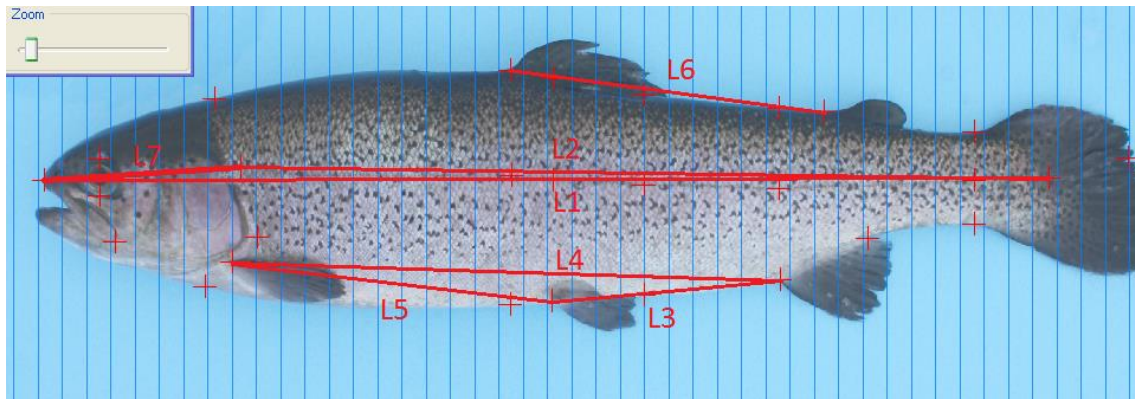


Figure VIII : Longueurs d'intérêts calculées à partir des coordonnées des points repères

Des ratios de ces distances ont également été calculés afin de pondérer les variables. Des ratios de hauteurs par d'autres hauteurs, de longueurs par d'autres longueurs, de hauteurs par des longueurs et de hauteurs ou longueurs par le poids. Toutes les distances de bases ont donc été divisées par le poids, la longueur standard et la hauteur standard. D'autres variables pondérées ont été déterminées en fonction de leur éventuel sens biologique.

Les caractères de reproductions choisis afin de tester s'il existait une corrélation avec les distances choisies et les ratios calculés étaient : le rendement gonado-somatique (RGS, qui correspond au poids des gonades sur le poids de l'individu), le poids avant ponte, le nombre total d'œufs, le poids d'un œuf, le poids total d'œufs et la fécondité relative (nombre d'œufs/kg de femelle). Après de multiples combinaisons, aucune corrélation n'a été trouvée entre les distances choisies et les caractères de reproductions ainsi qu'entre les ratios de distances calculés et les mêmes caractères. Au vu des résultats, aucun calcul d'aire n'a été effectué.

3) Recherche de prédicteurs morphologiques des caractères de reproductions

La méthode employée afin de sélectionner les grandeurs morphologiques les plus pertinentes afin de prédire les caractères de reproductions a déjà été réalisée afin de prédire des rendements de découpe chez la truite arc-en-ciel (Haffray et al. 2013) et la daurade (Ouattara, 2015).

Dans un premier temps une analyse discriminante de la morphologie des poissons en fonction des caractères de reproduction a été réalisée. Cette analyse consiste à faire un tri des individus pour chacun des caractères de reproduction en fonction des écarts à la régression entre le logarithme du poids des individus et le logarithme des valeurs des caractères de reproduction. Une fois le tri effectué, il est possible de sélectionner les 150 individus présentant les valeurs de reproduction les plus fortes et les 150 individus présentant les valeurs de reproduction les plus faibles. Les lots extrêmes en ce qui concerne par exemple la fécondité relative serait de sélectionner les 150 individus les plus féconds (lot hyperfécond) et les 150 individus les moins féconds (lot hypofécond). L'intérêt de cette analyse est de pouvoir s'affranchir du biais que peut apporter le poids à l'analyse. Il n'est possible de parler de la notion de conformation qu'une fois que l'on s'est affranchi des différences de tailles et de poids des individus. Pour cela les individus sont remis à la même taille. La notion de taille change donc pour devenir une somme des écarts. On utilise ce que l'on appelle une relation

d'allométrie de croissance, qui consiste en une régression log/log et dont la pente est le coefficient allométrique. Par exemple, si ce coefficient est positif pour une régression logarithme du poids de la tête en fonction du logarithme du poids total, cela signifie que la tête croît plus vite que le reste du corps, et s'il est inférieur à 1, cela signifie que la tête croît moins vite que le reste du corps. Les 300 individus sélectionnés sont donc les résidus extrêmes de cet écart à la régression.

Les formes des 300 poissons sélectionnés sont ensuite analysées avec l'aide du logiciel d'analyse MorphoJ® (Klingenberg 2011). MorphoJ® est un logiciel morphologique 2D et 3D qui permet de visualiser les différences morphologiques à partir de l'ensemble des coordonnées des points remarquables saisies sur chaque individu et de décrire et analyser les changements de forme (James Rohlf and Marcus 1993). Pour chacun des caractères de reproduction, le logiciel discrimine les individus à valeurs fortes et faibles. La P-value de cette analyse donne la significativité des résultats. Ce logiciel était initialement utilisé en écologie pour l'analyse des ailes des papillons (Klingenberg 2011). Depuis ce logiciel a également été utilisé pour l'analyse des formes chez les poissons protogynes (Fruciano et al., 2011) et sur les effets de la prédation sur la divergence morphologique des proies des poissons omnivores (Scharnweber et al. 2013).

L'analyse discriminante est réalisée à partir des coordonnées des points pour obtenir les vecteurs de forme qui discriminent les deux groupes extrêmes et visualiser graphiquement ces différences. Le logiciel lance également un test de validation croisée, qui consiste à retirer l'information du lot auquel appartiennent les individus, les mélanger et regarder si le logiciel réussit juste grâce à la morphologie à re-séparer les deux lots.

IV] Assignation de parenté

L'assignation de parenté est effectuée par le laboratoire de génotypage des animaux domestiques Labogena DNA (Jout-en-Josas). Afin de réaliser cette analyse, des prélèvements de nageoire pectorale gauche ont été collectés sur chaque individu lors de leur marquage. Ces bouts de nageoires sont ensuite conservés dans de l'alcool à 90°C dans un tube sur lequel est noté le code, un code barre et le numéro de transpondeur également saisis dans la base de données INFAQUA. Ces échantillons sont ensuite envoyés à Labogena afin d'être génotypés. Le génotypage se fait grâce à 11 marqueurs microsatellites.

V] Traitements génétiques

Les données utilisées pour les traitements génétiques sont stockées sous INFAQUA et proviennent des chantiers de mesures ainsi que des traitements et calculs effectués à partir de ces données (calcul du poids d'un œuf à partir de l'échantillon récolté par exemple). Les données inférieures ou supérieures à 4 écarts-types (σ) ont été considérées comme aberrantes et dé-validées dans la base de données.

Deux effets ont été testés selon la méthode du critère de vraisemblance en plus de l'effet aléatoire animal :

- Effet cohorte (effet fixe)
- Effet mère (effet aléatoire)

Ce sont des effets non génétiques liés à l'environnement. Ils sont imprévisibles et il est impossible de les dissocier de l'étude, ils sont donc ajoutés dans le modèle s'ils sont significatifs afin de modérer leurs effets sur les résultats. Si ces effets n'étaient pas pris en compte ils engendreraient du bruit au niveau des résultats. L'effet mère peut par exemple être lié à la façon dont les œufs sont formés, tous les individus sont différents.

Dans notre étude, tous les individus sont des femelles, l'effet sexe n'a donc pas été testé. La significativité de l'effet mère a été testé selon le critère du maximum de vraisemblance (LL). La vraisemblance des modèles incluant l'effet mère (M1) ont été comparés aux mêmes modèles dans lesquels l'effet mère a été retiré (M0). La quantité $Q = 2LL_{M1} - 2LL_{M0}$ suit une loi du χ^2 avec $n1-n2$ degrés de liberté. La valeur statistique de Q est ensuite calculé et la comparer ensuite à la table de la loi du χ^2 correspondante. Dans le cas présent, 3,84 pour une erreur de première espèce $\alpha=0,05$. Si la valeur de Q dépasse la valeur de la table (3,84), cela signifie que le modèle incluant l'effet mère est meilleur que le modèle sans effet mère. L'estimation des paramètres génétiques des caractères mesurés ou calculés est effectuée avec le logiciel VCE 6.

Le logiciel VCE 6 (Kovac and Groeneveld 2003) suit le principe du bayésien. Le bayésien part d'un prior, une valeur de base qui est définie arbitrairement (dans le cas présent 0,5). Bien qu'il soit choisi arbitrairement, connaissant la fourchette dans laquelle les valeurs des paramètres génétiques se situent, une valeur approchant est donc choisie. Cette valeur de base est la valeur de l'effet animal, qui est également la valeur que l'on cherche à estimer. D'autres données sont nécessaires afin de faire tourner le bayésien, un fichier de pédigrée contenant toute la généalogie des individus et un fichier data contenant les données des caractéristiques incluent dans l'analyse. Le logiciel utilise ensuite les fichiers de pédigrée et de data ainsi que le prior afin d'estimer une première valeur de variance animal. Puis à partir de cette nouvelle valeur et des mêmes fichiers le logiciel estime une deuxième valeur de variance de l'effet animal. Cette opération est réalisée 250 millions de fois et les valeurs sont conservées à partir de 8 millions 500 milles traitements (marge afin de s'éloigner de la valeur choisie arbitrairement). Le logiciel converge donc vers une valeur plus précise de la variance de l'effet animal.

Le logiciel VCE 6 calcule ensuite les paramètres génétiques en fonction des modèles entrés dans l'analyse. Les modèles entrés dans l'analyse suivent un modèle animal linéaire mixte univarié suivant les caractères que l'on entre dans l'analyse.

$$Y_i = \mu + \text{effet(s) fixe(s)} + \text{effet(s) aléatoire(s)} + \text{effet animal} + \text{résiduelle}$$

Dans ce modèle Y_i représente la performance mesurée pour l'individu i , l'effet cohorte fait partie des effets fixes. μ étant la moyenne de l'ensemble des performances. L'effet animal est lui un effet aléatoire. Pour le calcul des corrélations génétiques, deux modèles sont donc entrés dans le logiciel. Elles sont donc estimées selon le même modèle linéaire mixte, mais bivarié.

Toute performance phénotypique (P) peut être définie comme la somme d'un effet génétique (G) et d'un effet lié à l'environnement d'élevage (E).

$$P = G + E$$

Cet effet génétique (G) peut être décomposé en une valeur additive (A), une valeur de dominance (D) et une valeur liée aux interactions (I).

$$G = A + D + I$$

La valeur additive (A) est une valeur intrinsèque de l'individu. Il en transmet 50% (la moitié de son génome). La valeur de dominance (D) est la variance due à la dominance de certains allèles et la valeur liée aux interactions (I) est due aux différences de compatibilités entre les parents.

Les paramètres génétiques utilisés dans cette étude sont l'héritabilité (h^2) et la corrélation génétique (rg). L'héritabilité peut être définie de nombreuses manières, c'est une donnée statistique évaluant la part de supériorité génétique d'une population pour un caractère qui est transmissible aux descendants. Elle est définie par le rapport de la variance additive à la variance phénotypique.

$$h^2 = \frac{V(A)}{V(P)}$$

La corrélation génétique caractérise la liaison entre les valeurs génétiques de deux individus pour chaque caractère. Cette corrélation génétique varie de -1 à 1, plus la valeur absolue est élevée, plus la liaison est forte. Si elle est positive cela indique une évolution dans le même sens des deux caractères. Si elle est négative cela indique une évolution dans le sens opposé de ces deux caractères.

VI] Estimation des gains génétiques potentiels et des réponses corrélatives

Le but en sélection génétique est d'améliorer les performances voulues des individus. Il est donc intéressant d'estimer le gain potentiel attendu qui est une estimation de l'augmentation (en %) du caractère sélectionné d'une génération à la suivante, pour une sélection monocaractère.

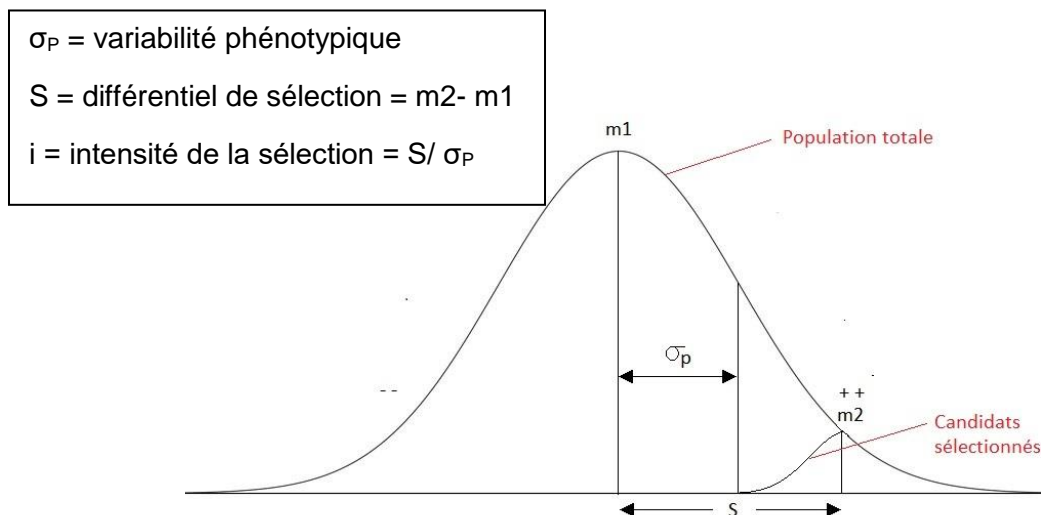


Figure IX : Principe de la sélection monogénétique

Il existe différents types de sélections, la sélection massale, la sélection généalogique sur apparenté et la sélection généalogique sur candidat. La sélection massale consiste en une sélection des performances sur l'individu à sélectionner lui-même. Une sélection généalogique sur apparenté est une sélection d'individus basés sur la moyenne des performances de la famille de l'individu (frères et sœurs). Une sélection généalogique sur candidat diffère de la sélection généalogique sur apparenté puisque les performances prises en compte pour la sélection sont celles des candidats et non des collatéraux. Les caractères à sélectionner ne peuvent pas forcément être sélectionnés par ces trois types de sélection pour n'importe quelle pression de sélection. Dans certains cas les individus doivent être tués afin que les mesures puissent être effectuées, donc pour une sélection sur apparenté, ce sont les collatéraux qui sont mesurés. Les producteurs veulent garder de la famille, il est donc impossible d'appliquer des pressions de sélection trop fortes. Une sélection sur candidat est plus précise, puisqu'elle se base directement sur les valeurs des candidats.

Tableau II : Pressions de sélections applicables en fonction du type de sélection effectuée

| Pression de sélection | Sélection massale | Sélection généalogique sur apparenté | Sélection généalogique sur candidat |
|-----------------------|-------------------|--------------------------------------|-------------------------------------|
| 10% | X | | X |
| 30% | X | X | X |

L'intensité de la sélection (i) dépend de la pression de sélection ($P\%$) appliquée sur l'élevage. La pression de sélection correspond au pourcentage d'individus de la population gardée afin de servir de reproducteur pour former la prochaine génération. A chaque pression de sélection est associée une intensité de sélection.

Tableau III : Tableau récapitulatif des intensités de sélection en fonction de la pression de sélection

| P% | 50 | 30 | 20 | 10 | 5 | 3 | 1 | 0.1 | 0.01 |
|-----|-------|-------|-----|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| i | 0.798 | 1.138 | 1.4 | 1.755 | 2.063 | 2.269 | 2.666 | 3.368 | 3.958 |

Cette intensité de sélection est nécessaire au calcul du gain potentiel, ainsi que l'héritabilité du caractère et l'écart type phénotypique. Soit :

$$Gain = G = m_3 - m_1 = h^2 * S = h^2 * i * \sigma_P$$

Avec :

- h^2 = héritabilité du caractère
- σ_P = écart type phénotypique
- i = intensité de la sélection
- m_3 = moyenne des descendants

Le fait que l'écart type phénotypique du caractère soit dans la formule a pour conséquence que le gain est de la même unité que le caractère sélectionné.

Il est possible de sélectionner certains caractères de manière à ce que le gain soit négatif. Ce sont des critères qualitatifs pour lesquels une perte peut être intéressante.

Les gains génétiques d'une sélection sur les caractères étudiés sont calculés pour différents types de sélections. Les caractères de croissances et les coefficients de condition sont calculés pour une sélection massale ou généalogique sur candidat, avec une pression de sélection de 3%. Les gains d'adiposité musculaire et de E8/E23 sont calculés pour une sélection massale ou généalogique sur candidat, avec une pression de sélection de 10%. Pour les gains génétiques des caractères de reproduction, ils sont calculés pour une sélection généalogique sur collatéraux pour une pression de sélection de 30%. Dans ce cas, le gain est divisé par deux du fait de l'aléa de méiose.

Lorsque l'on sélectionne une population sur un caractère, cela peut avoir un impact sur d'autres caractères. Une fois que l'on connaît le gain du caractère sélectionné, il est intéressant d'estimer la réponse corrélative. La réponse corrélative correspond au gain d'un caractère si l'on sélectionne sur un autre caractère. Pour la formule suivante, on regarde la réponse corrélative du caractère « b » si on sélectionne à 100% sur le caractère « a ». Donc dans le cas d'une sélection monocaractère basé sur le caractère « a ».

$$R_b = (i_a * h_a) * h_b * r_{ab} * \sigma_b$$

Avec :

- i_a : intensité de la sélection sur le caractère a
- h_a : racine carrée de l'héritabilité du caractère a
- h_b : racine carrée de l'héritabilité du caractère b
- r_{ab} : corrélation génétique entre a et b
- σ_b : variabilité phénotypique du caractère b

Résultats

I] Assignation de parenté

Tableau IV : Résultats de l'assignation de parenté réalisée par Labogena (n=2057)

| | Assignés à un couple | Assignés à plusieurs couples | Non compatibles | Non exploitables | Assignés hors plan fécondation proposé |
|---------------|----------------------|------------------------------|-----------------|------------------|--|
| Nombre | 1919 | 61 | 28 | 44 | 5 |
| % | 93,2 | 3 | 1,4 | 2,1 | 0,2 |

Sur les 2057 échantillons génotypés 93% ont été assignés à un unique couple, 3% ont été assignés à au moins deux couples de parents et 0,2% ont été assignés à des parents hors du plan de fécondation proposé. 1,4% des échantillons n'étaient pas compatibles avec les parents proposés et 2,1% étaient inexploitable. L'ADN était trop altéré pour permettre le génotypage.

II] Performances phénotypiques

Les statistiques descriptives des caractères de reproduction et des performances de croissances sont présentées dans les tableaux V et VI.

Tableau V : Statistiques descriptives des caractères de reproduction

| Caractères | Effectif | Moyenne | Coefficient de variation | Minimum | Maximum |
|---|----------|--------------------------|--------------------------|---------|----------|
| Poids avant ponte (g) | 1745 | 2605,9 (\pm 497,87) | 19,11 | 913,70 | 4342,40 |
| Poids après ponte (g) | 1746 | 2185,59 (\pm 424,73) | 19,43 | 913,70 | 3690,30 |
| Fécondité relative (nb œufs/kg♀) | 1679 | 3295,53 (\pm 728,88) | 22,12 | 425,05 | 6134,17 |
| Nombre total d'œufs | 1683 | 7121,98 (\pm 1739,52) | 24,43 | 319,76 | 14024,36 |
| Poids total d'œufs (g) | 1699 | 341,41 (\pm 86,14) | 25,23 | 6,27 | 642,35 |
| Poids d'un œuf (mg) | 1682 | 53 (\pm 10) | 11,65 | 30 | 70 |
| Rendement gonado-somatique | 1696 | 13,2 (\pm 2,1) | 18,70 | 0,1 | 22 |

L'effectif désigne le nombre de données valides pour la caractéristique.

Tableau VI : Statistiques descriptives des caractéristiques de croissance (poids, adiposité musculaire, K et échographies)

| Caractères | Effectif | Moyenne | Coefficient de variation | Minimum | Maximum |
|--|----------|--------------------------|--------------------------|---------|---------|
| Poids au marquage (9 mois) (g) | 2100 | 355,26 ($\pm 70,18$) | 19,75 | 130,70 | 605,10 |
| Poids (16 mois) (g) | 1860 | 1748,99 ($\pm 387,87$) | 22,18 | 378,70 | 3099,30 |
| Poids (20 mois) (g) | 1787 | 2592,31 ($\pm 510,49$) | 19,69 | 505,80 | 4482,20 |
| FAT2 (16 mois) (%) | 1858 | 7,66 ($\pm 2,2$) | 28,67 | 0,90 | 16,70 |
| FAT2 (20 mois) (%) | 1789 | 5,06 ($\pm 1,55$) | 30,61 | 0,60 | 31,00 |
| FAT2 à la ponte (21 mois) (%) | 1465 | 2,24 ($\pm 0,94$) | 42,22 | 0,80 | 9,40 |
| Coefficient de condition au marquage (g/cm³) | 2098 | 1,2 ($\pm 0,1$) | 6,70 | 0,9 | 1,5 |
| Coefficient de condition à (16 mois) (g/cm³) | 1854 | 1,4 ($\pm 0,1$) | 7,76 | 1,1 | 1,9 |
| Coefficient de condition à (20 mois) (g/cm³) | 1787 | 1,4 ($\pm 0,1$) | 8,25 | 1,0 | 2,2 |
| Echographie8 / Echographie23 (16 mois) | 1858 | 0,13 ($\pm 0,02$) | 12,48 | 0,07 | 0,19 |
| Echographie8 / Echographie23 (20 mois) | 1788 | 0,12 ($\pm 0,03$) | 21,37 | 0,06 | 0,31 |

A la ponte les individus pesaient en moyenne 2,6 kg avec les œufs et 2,2 kg en moyenne une fois la ponte effectuée. Le nombre d'œufs varie de 319 à 14 000 et leur poids de 6,27 grammes à 642,35 grammes. Nous avons calculé les résidus du nombre d'œufs, du poids des œufs et du poids d'un œuf ainsi que des relevés FAT2 afin de pouvoir comparer avec les valeurs brutes et estimer s'il existe un biais que peut entraîner la différence de poids des individus.

III] Formation de lots extrêmes et morphotypes

Avant d'effectuer les analyses discriminantes sur lots extrêmes, des tests de corrélations ont été pratiqués grâce aux données récupérées lors des biométries et aux coordonnées obtenues grâce au traitement sur Visilog®.

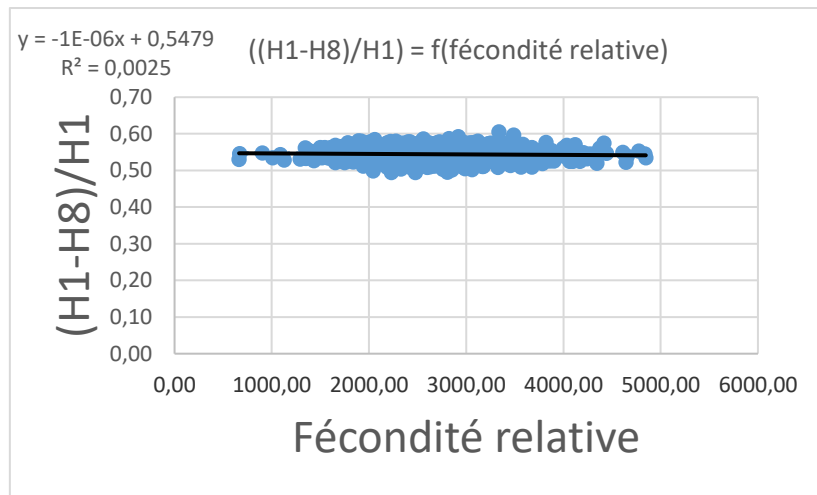


Figure X : Représentation de la corrélation entre la hauteur du ventre rapportée à la hauteur du poisson et la fécondité relative (x1000)

Des lots extrêmes ont été mis en place pour chacune des caractéristiques de reproduction. Ces lots sont formés des 150 individus ayant la plus forte valeur et des 150 individus ayant la plus faible valeur pour chacune des caractéristiques de reproduction. De faibles différences de morphologie ont été observées.

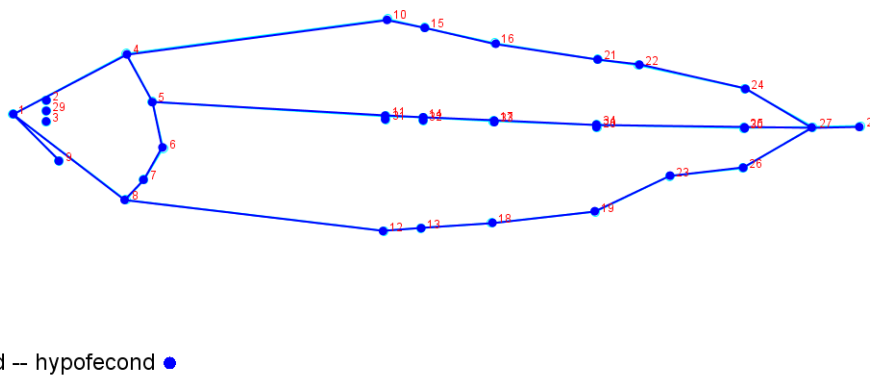


Figure XI : Différences morphologiques des individus extrêmes sur le caractère fécondité relative

Les analyses discriminantes ont été effectuées sur des animaux 17 mois après leur fécondation, les analyses sont faites pour toutes les caractéristiques mais aucune ne se sont révélées significatives. Par exemple, dans le cas de la fécondité relative, la P-value était de 0,0760 et de 0,3648 pour la taille d'un œuf (Annexe IV et V). Les P-value étant supérieures à 0,05, les résultats ne sont donc pas significatifs. La validation croisée faite en lien avec l'analyse discriminante montre qu'il n'est pas possible de discriminer les lots.

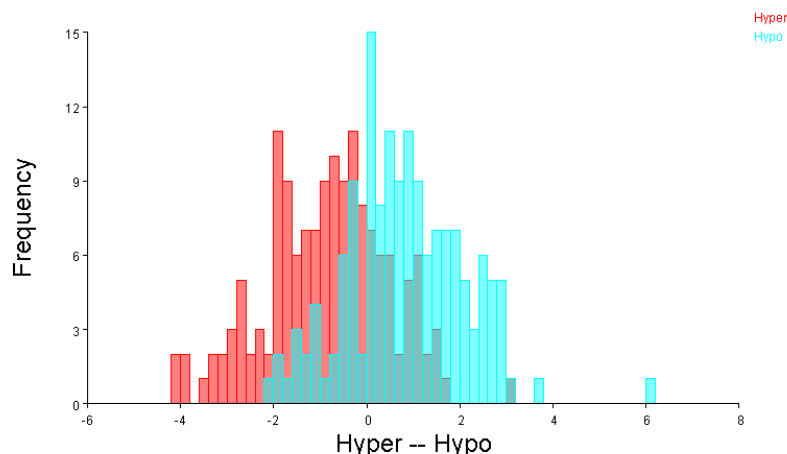


Figure XII : Analyse discriminante de lots extrêmes sur la fécondité relative

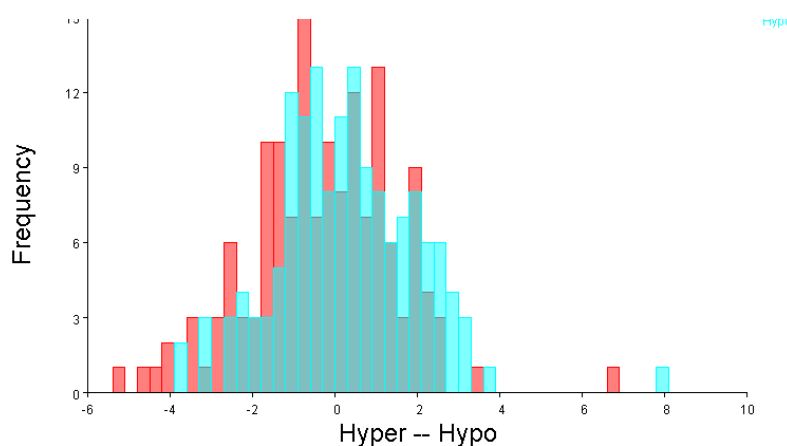


Figure XIII : Validation croisée en parallèle de l'analyse discriminante sur la fécondité relative

L'analyse discriminante (Figure XII) montre que les individus des lots hypofertiles et hyper-fertiles se recoupent. Si l'on enlève les couleurs rouge et bleu de ce graphique il serait possible de croire que ce n'est qu'un seul et unique pic. Alors qu'il devrait y avoir deux pics. La figure XIII quant à elle est encore plus flagrante. Les individus hypofertiles et hyper-fertiles se recoupent totalement. Le logiciel s'est même trompé pour deux individus extrêmes, les deux individus les plus à droite du graphique, l'un est bleu et l'autre rouge. Le logiciel les a donc classés en fonction de leur morphologie dans les lots opposés.

Il est donc possible de conclure qu'il n'existe pas de morphotypes liés aux caractères de reproduction 17 mois après la fécondation. La morphologie n'est donc pas liée à la reproduction et il est impossible de mettre en place un modèle de prédicteurs de bons ou mauvais reproducteurs, comme il est possible de le faire pour les rendements en filets ou carcasses qui eux sont liés à la morphologie.

IV] Héritabilités et corrélations génétiques

Dans les tableaux qui vont suivre, au marquage les animaux étaient à 9 mois après fécondation, en Juin à 16 mois après fécondation, en Septembre à 20 mois après fécondation et à la ponte 21 mois après fécondation.

1) Calcul des résidus

Les héritabilités de tous ces ratios et leurs résidus ont été calculés et il s'avère que la différence entre les résidus et leurs caractéristiques est limitée. De plus les corrélations génétiques entre ces caractéristiques et leurs résidus sont toutes proches de 1. Il est donc possible de considérer que ces caractéristiques sont équivalentes.

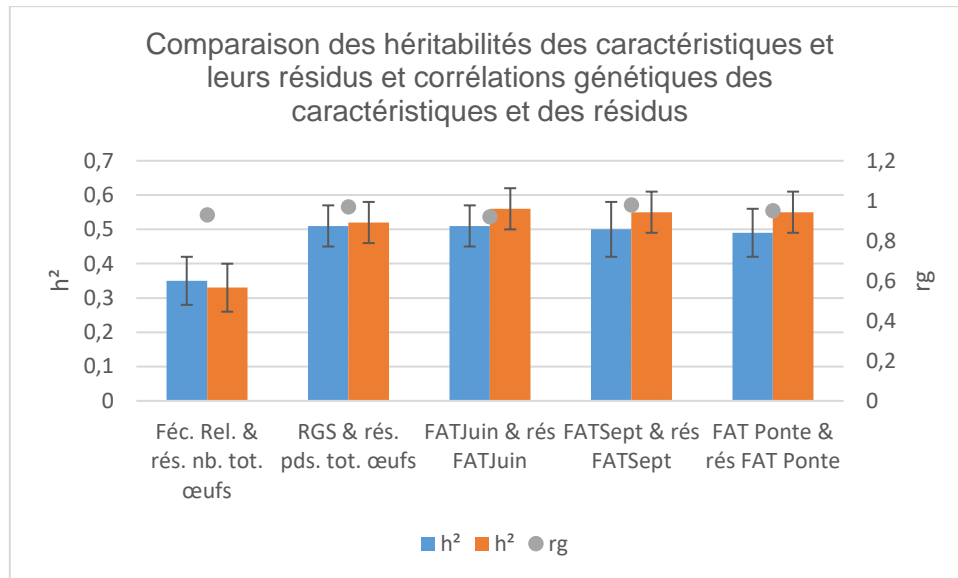


Figure XIV : Comparaison des héritabilités (+SE) des caractéristiques et leurs résidus

Au vu des résultats, les résidus ne seront donc plus pris en compte pour la suite de l'étude puisque les héritabilités des caractéristiques et des résidus sont extrêmement proches et que ces caractères sont équivalents (rg proches de 1). Les valeurs et corrélations des résidus sont disponibles dans les tableaux en annexe.

2) Paramètres génétiques, évolution du poids et du coefficient de condition

Pour les tableaux qui vont suivre, les héritabilités sont représentées en diagonale, les corrélations génétiques et leurs écart-types sont représentés au-dessus de la diagonale et les corrélations phénotypiques en dessous de la diagonale.

Tableau VII : Evolution des héritabilités (+SE), corrélations génétiques (+SE) et corrélations phénotypiques du poids et du coefficient de condition avec les héritabilités en diagonale, les corrélations phénotypiques sous la diagonale et les corrélations génétiques au dessus de la diagonale

| | Pds marquage | Pds Juin | Pds Sept | Pds ponte pleine | Pds ponte vidée | K marquage | K Juin | K Sept |
|------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|
| Pds marquage | 0,35(±0,05) | 0,69(±0,07) | 0,67(±0,07) | 0,69(±0,08) | 0,64(±0,08) | 0,50(±0,08) | 0,46(±0,10) | 0,30(±0,11) |
| Pds Juin | 0,51 | 0,40(±0,06) | 0,93(±0,02) | 0,92(±0,02) | 0,88(±0,03) | 0,42(±0,09) | 0,59(±0,07) | 0,34(±0,10) |
| Pds Sept | 0,44 | 0,87 | 0,47(±0,06) | 1 | 0,98(±0,01) | 0,44(±0,09) | 0,57(±0,08) | 0,41(±0,09) |
| Pds ponte pleine | 0,44 | 0,86 | 0,99 | 0,47(±0,06) | 0,98(±0,01) | 0,47(±0,09) | 0,55(±0,08) | 0,39(±0,10) |
| Pds ponte vidée | 0,4 | 0,82 | 0,96 | 0,97 | 0,46(±0,06) | 0,40(±0,09) | 0,50(±0,09) | 0,34(±0,10) |
| K marquage | 0,53 | 0,31 | 0,28 | 0,29 | 0,25 | 0,51(±0,05) | 0,80(±0,04) | 0,73(±0,06) |
| K Juin | 0,26 | 0,51 | 0,45 | 0,44 | 0,4 | 0,62 | 0,48(±0,06) | 0,85(±0,03) |
| K Sept | 0,14 | 0,22 | 0,35 | 0,34 | 0,28 | 0,54 | 0,71 | 0,46(±0,06) |

Dans ce tableau, les héritabilités des poids sont intermédiaire (0,35-0,46). On remarque tout de même que les poids les plus proches de la ponte sont plus héritable que les premiers poids mesurés. Les héritabilités des poids à la ponte étant de 0,46 et 0,47 sont supérieures à l'héritabilité du poids mesuré à 15 mois (0,40), elle-même supérieure à celle du marquage en Janvier 2015 (0,35). Les héritabilités du coefficient de condition, sont toutes dans le même ordre de grandeur (0,46-0,51).

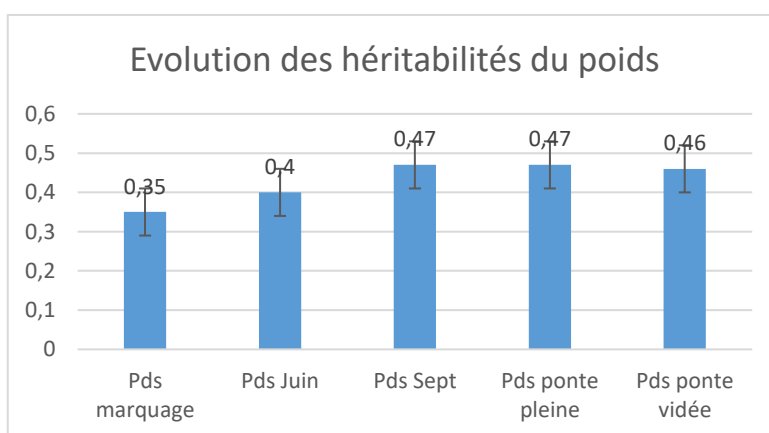


Figure XV : Evolution des héritabilités (+SE) du poids

Les corrélations génétiques entre les différents poids sont élevées. Elles augmentent lorsqu'elles se rapprochent de la ponte et que les dates sont proches. La corrélation entre le poids en Septembre et à la ponte en Octobre 2015 (0,98) est supérieure à la corrélation entre le poids au marquage en Janvier 2015 et le poids à la ponte en Octobre 2015 (0,64). Les corrélations génétiques du poids au marquage avec les autres poids (0,67-0,69) sont inférieures à 0,9, il faut donc le considérer comme un caractère différent des autres poids qui eux sont corrélés entre eux avec des valeurs supérieures à 0,9 et peuvent donc être considérés comme étant des caractères équivalents.

Les corrélations génétiques entre les différents coefficients de conditions sont également positives (0,73-0,85).

3) Paramètres génétiques, évolution de l'adiposité musculaire

Tableau VIII : Evolution de l'héritabilité (+SE) et des corrélations génétiques (+SE) de l'adiposité musculaire avec les héritabilités en diagonale, les corrélations phénotypiques sous la diagonale et les corrélations génétiques au dessus de la diagonale

| | FAT Juin | FAT Sept | FAT ponte |
|-----------|--------------------|--------------------|--------------------|
| FAT Juin | 0,51(±0,06) | 0,72(±0,06) | 0,68(±0,07) |
| FAT Sept | 0,58 | 0,50(±0,08) | 0,86(±0,03) |
| FAT ponte | 0,48 | 0,77 | 0,49(±0,07) |

Les héritabilités de ces trois caractères sont identiques et intermédiaires. Ces données confirment donc que l'adiposité musculaire est héritable même à la ponte, ce qui n'avait encore jamais été estimé. Les caractères sont fortement corrélés génétiquement deux à deux (0,68-0,86). Cela nous indique donc que les poissons qui ont la plus forte adiposité musculaire 16 mois après fécondation seront ceux qui auront l'adiposité musculaire la plus élevée 20 mois après fécondation ainsi qu'à la ponte. De même, de Septembre (20 mois après fécondation) à la ponte (21 mois après fécondation). Les corrélations étant inférieures à 0,9, ces caractères ne sont donc pas équivalents et il est donc intéressant de garder ces trois caractères pour la suite de l'étude.

4) Paramètres génétiques, caractères de reproduction

Tableau IX : Héritabilités (+SE), corrélations génétiques (+SE) et phénotypiques des caractères de reproduction avec les héritabilités en diagonale, les corrélations phénotypiques sous la diagonale et les corrélations génétiques au dessus de la diagonale

| | Féc Rel | Nb tot œufs | Pds tot œufs | Pds 1 œuf | RGS | Pds pleine | Pds vidée | Sem de ponte | FAT ponte | DZNOT | DZPOT | DZP10 |
|--------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------|--------------|--------------|
| Féc Rel | 0,35(±0,07) | 0,68(±0,07) | 0,53(±0,09) | -0,26(±0,12) | 0,89(±0,03) | -0,20(±0,12) | -0,37(±0,11) | -0,24(±0,12) | -0,23(±0,14) | 0,93(±0,02) | 0,82(±0,04) | 0,40(±0,11) |
| Nb tot œufs | 0,64 | 0,46(±0,06) | 0,89(±0,02) | -0,04(±0,10) | 0,62(±0,07) | 0,62(±0,07) | 0,51(±0,08) | 0,(±0,0) | 0,34(±0,11) | 0,88(±0,03) | 0,74(±0,05) | 0,(±0,0) |
| Pds tot œufs | 0,47 | 0,88 | 0,51(±0,06) | 0,43(±0,09) | 0,71(±0,05) | 0,65(±0,06) | 0,57(±0,07) | 0,02(±0,10) | 0,30(±0,11) | 0,75(±0,06) | 0,85(±0,03) | -0,55(±0,07) |
| Pds 1 œuf | -0,31 | -0,16 | 0,31 | 0,47(±0,06) | 0,18(±0,10) | 0,28(±0,10) | 0,24(±0,10) | 0,53(±0,08) | 0,04(±0,12) | -0,20(±0,11) | 0,38(±0,09) | -0,22(±0,11) |
| RGS | 0,84 | 0,58 | 0,68 | 0,17 | 0,51(±0,06) | -0,06(±0,11) | -0,20(±0,10) | 0,07(±0,10) | -0,14(±0,12) | 0,86(±0,03) | 0,97(±0,01) | 0,23(±0,10) |
| Pds pleine | -0,18 | 0,63 | 0,67 | 0,2 | -0,09 | 0,47(±0,06) | 0,98(±0,01) | -0,29(±0,12) | 0,46(±0,11) | 0,18(±0,13) | 0,87(±0,03) | -0,98(±0,00) |
| Pds vidée | -0,33 | 0,5 | 0,55 | 0,16 | -0,23 | 0,97 | 0,46(±0,06) | 0,10(±0,10) | 0,52(±0,10) | 0,01(±0,04) | 0,03(±0,11) | -1(±0,00) |
| Sem de ponte | 0 | 0 | 0,03 | 0,31 | 0,15 | -0,12 | -0,15 | 0,47(±0,06) | -0,49(±0,09) | -0,29(±0,12) | 0,10(±0,10) | 0,09(±0,10) |
| FAT ponte | -0,22 | 0,21 | 0,2 | 0,02 | -0,21 | 0,24 | 0,34 | -0,43 | 0,49(±0,07) | -0,01(±0,14) | -0,03(±0,11) | -0,62(±0,08) |

Pour chacun des caractères de reproduction les héritabilités ont été calculées. Elles sont intermédiaires (0,35 – 0,51), les plus élevées étant celles du poids total d'œufs (0,51) et du rendement gonado-somatique (0,51). Les caractères de reproduction ayant de bonnes héritabilités, il est possible de sélectionner dessus.

Les corrélations génétiques entre la fécondité relative et le RGS (0,89) et entre le nombre d'œufs total et le poids total d'œufs (0,89) sont également très élevées. Le poids des œufs et le nombre d'œufs sont deux caractères qui dépendent l'un de l'autre, plus il y a d'œufs plus les œufs pèsent lourd à poids d'œufs équivalent, il est donc logique que ces caractères soient fortement corrélés. En ce qui concerne le RGS et la fécondité relative, le premier correspond au rapport du poids total d'œufs par kg de femelle et le second correspond au rapport du nombre total d'œufs par kg de femelle. On retrouve donc les deux critères précédents qui étaient fortement corrélés, cela explique donc pourquoi ces deux corrélations ont la même valeur.

La corrélation du nombre total d'œufs et du FAT à la ponte (0,34) indique que plus les femelles ont d'adiposité musculaire, plus elles pondent d'œufs. La corrélation du poids total d'œufs et du poids d'un œuf (0,43) indique que plus le total d'œufs est lourd plus les œufs sont individuellement lourds. Le poids d'un œuf est fortement corrélé à la semaine de ponte (0,53), donc plus les œufs des femelles sont lourds individuellement, plus la ponte de la femelle sera tardive.

En plus des corrélations positives citées dans le tableau IX, certaines sont négatives. La corrélation entre la fécondité relative et le poids d'un œuf (-0,26), montre que les femelles à fécondité relative supérieures auraient une tendance à produire des œufs plus petits. Le poids des femelles pleines est corrélé négativement avec la semaine de ponte (-0,29), donc plus les femelles pleines sont lourdes, plus elles ont tendance à pondre tôt. La corrélation la plus négative est entre l'adiposité musculaire à la ponte et la semaine de ponte (-0,49). Cela signifie que plus les femelles ont une adiposité musculaire élevée, plus elles pondent précocement. La semaine de ponte est indépendante des autres caractères.

5) Paramètres génétiques, entre les performances de croissance et les caractères de reproduction

Tableau X : Héritabilités (+SE) et corrélations génétiques (+SE) des poids et des caractères de reproduction avec les héritabilités en diagonale, les corrélations phénotypiques sous la diagonale et les corrélations génétiques au dessus de la diagonale

| | Pds marquage | Pds Juin | Pds Sept | Pds ponte pleine | Pds ponte vidée | Féc rel | Nb tot œufs | Pds tot œufs | Pds 1 œuf | RGS | FAT ponte |
|------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|
| Pds marquage | 0,35(±0,05) | 0,69(±0,07) | 0,67(±0,07) | 0,69(±0,08) | 0,64(±0,08) | 0,15(±0,27) | 0,66(±0,17) | 0,72(±0,19) | 0,24(±0,24) | 0,24(±0,28) | 0,08(±0,26) |
| Pds Juin | 0,51 | 0,40(±0,06) | 0,93(±0,02) | 0,92(±0,02) | 0,88(±0,03) | -0,06(±0,13) | 0,64(±0,07) | 0,62(±0,07) | 0,18(±0,10) | -0,01(±0,09) | 0,36(±0,11) |
| Pds Sept | 0,44 | 0,87 | 0,47(±0,06) | 1 | 0,98(±0,01) | -0,17(±0,13) | 0,64(±0,06) | 0,66(±0,06) | 0,28(±0,10) | -0,04(±0,11) | 0,43(±0,10) |
| Pds ponte pleine | 0,44 | 0,86 | 0,99 | 0,47(±0,06) | 0,98(±0,01) | -0,20(±0,12) | 0,62(±0,07) | 0,65(±0,06) | 0,28(±0,10) | -0,06(±0,11) | 0,46(±0,11) |
| Pds ponte vidée | 0,4 | 0,82 | 0,96 | 0,97 | 0,46(±0,06) | -0,37(±0,11) | 0,51(±0,08) | 0,57(±0,07) | 0,24(±0,10) | -0,20(±0,10) | 0,52(±0,10) |
| Féc rel | 0,03 | -0,06 | -0,19 | -0,18 | -0,33 | 0,35(±0,07) | 0,68(±0,07) | 0,53(±0,09) | -0,26(±0,12) | 0,89(±0,03) | -0,23(±0,14) |
| Nb tot œufs | 0,48 | 0,62 | 0,63 | 0,63 | 0,5 | 0,64 | 0,46(±0,06) | 0,89(±0,02) | -0,04(±0,10) | 0,62(±0,07) | 0,34(±0,11) |
| Pds tot œufs | 0,51 | 0,64 | 0,67 | 0,67 | 0,55 | 0,47 | 0,88 | 0,51(±0,06) | 0,43(±0,09) | 0,71(±0,05) | 0,30(±0,11) |
| Pds 1 œuf | 0,18 | 0,15 | 0,2 | 0,2 | 0,16 | -0,31 | -0,16 | 0,31 | 0,47(±0,06) | 0,18(±0,10) | 0,04(±0,12) |
| RGS | 0,11 | 0,01 | -0,09 | -0,09 | -0,23 | 0,84 | 0,58 | 0,68 | 0,17 | 0,51(±0,06) | -0,14(±0,12) |
| FAT ponte | 0,09 | 0,19 | 0,21 | 0,24 | 0,34 | -0,22 | 0,21 | 0,2 | 0,02 | -0,21 | 0,49(±0,07) |

Ce tableau synthétise les résultats des tableaux 6, 7 et 8. Les héritabilités ont déjà été étudiés mais pas certaines corrélations. Tous les poids sont fortement corrélés au nombre total d'œufs (0,51 – 0,66) et au poids total d'œufs (0,57 – 0,72). Ces deux caractères dépendant du poids, il est logique que ces corrélations soient fortes. Le poids d'un œuf est corrélé faiblement mais positivement à ces poids (0,18 – 0,28), les individus les plus lourds auraient donc tendance à produire des œufs un peu plus gros.

L'adiposité musculaire a une corrélation intermédiaire avec les poids (0,36 – 0,52) sauf le poids au marquage (0,08). A part pour le poids au marquage (9 mois après fécondation), plus les femelles sont lourdes plus elles auront d'adiposité musculaire à la ponte.

6) Paramètres génétiques, entre les critères de reproduction, l'adiposité musculaire et les échographies

Tableau XI : Héritabilités (+SE) et corrélations génétiques (+SE) et phénotypiques des caractères de reproduction, d'adiposité musculaire et de la profondeur de la cavité abdominale avec les héritabilités en diagonale, les corrélations phénotypiques sous la diagonale et les corrélations génétiques au dessus de la diagonale

| | Pds ponte pleins | Pds ponte vidée | Féc rel | Nb tot œufs | Pds tot œufs | Pds 1 œufs | RGS | FAT Juin | FAT Sept | FAT ponte | E8/E23 Juin | E8/E23 Sept |
|------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|
| Pds ponte pleine | 0,47(±0,06) | 0,98(±0,01) | -0,20(±0,12) | 0,62(±0,07) | 0,65(±0,06) | 0,28(±0,10) | -0,06(±0,11) | 0,39(±0,10) | 0,37(±0,10) | 0,46(±0,11) | 0,03(±0,14) | -0,13(±0,14) |
| Pds ponte vidée | 0,97 | 0,46(±0,06) | -0,37(±0,11) | 0,51(±0,08) | 0,57(±0,07) | 0,24(±0,10) | -0,20(±0,10) | 0,39(±0,09) | 0,46(±0,10) | 0,52(±0,10) | -0,02(±0,14) | -0,01(±0,13) |
| Féc rel | -0,18 | -0,33 | 0,35(±0,07) | 0,68(±0,07) | 0,53(±0,09) | -0,26(±0,12) | 0,89(±0,03) | -0,13(±0,12) | -0,39(±0,13) | -0,23(±0,14) | 0,16(±0,16) | -0,63(±0,12) |
| Nb tot œufs | 0,63 | 0,5 | 0,64 | 0,46(±0,06) | 0,89(±0,02) | -0,04(±0,10) | 0,62(±0,07) | 0,18(±0,10) | 0,17(±0,11) | 0,34(±0,11) | 0,14(±0,14) | -0,33(±0,12) |
| Pds tot œufs | 0,67 | 0,55 | 0,47 | 0,88 | 0,51(±0,06) | 0,43(±0,09) | 0,71(±0,05) | 0,24(±0,10) | 0,29(±0,10) | 0,30(±0,11) | 0,08(±0,12) | -0,35(±0,12) |
| Pds 1 œufs | 0,2 | 0,16 | -0,31 | -0,16 | 0,31 | 0,47(±0,06) | 0,18(±0,10) | 0,21(±0,10) | 0,34(±0,10) | 0,04(±0,12) | -0,07(±0,14) | -0,08(±0,13) |
| RGS | -0,09 | -0,23 | 0,84 | 0,58 | 0,68 | 0,17 | 0,51(±0,06) | -0,02(±0,10) | -0,09(±0,04) | -0,14(±0,12) | 0,15(±0,14) | -0,45(±0,12) |
| FAT Juin | 0,35 | 0,35 | -0,09 | 0,17 | 0,21 | 0,1 | -0,04 | 0,51(±0,06) | 0,72(±0,06) | 0,68(±0,07) | 0,24(±0,13) | 0,16(±0,13) |
| FAT Sept | 0,26 | 0,34 | -0,24 | 0,12 | 0,19 | 0,17 | -0,14 | 0,58 | 0,50(±0,08) | 0,86(±0,03) | -0,06(±0,14) | 0,53(±0,11) |
| FAT ponte | 0,24 | 0,34 | -0,22 | 0,21 | 0,2 | 0,02 | -0,21 | 0,48 | 0,77 | 0,49(±0,07) | -0,02(±0,12) | 0,46(±0,11) |
| E8/E23 Juin | 0 | 0,01 | 0 | 0 | -0,01 | -0,01 | 0 | 0,08 | 0,03 | 0,02 | 0,17(±0,04) | -0,03(±0,17) |
| E8/E23 Sept | -0,11 | -0,01 | -0,31 | -0,22 | -0,22 | -0,02 | -0,28 | 0,05 | 0,34 | 0,32 | 0,06 | 0,22(±0,05) |

Les héritabilités du rapport des échographies E8/E23 sont limitées (0,17 et 0,22). Les valeurs absolues des corrélations génétiques de l'adiposité musculaire mesurée 20 mois après fécondation sont supérieures ou égales aux corrélations des mesures récupérées 16 mois après fécondation.

Le poids d'un œuf est moyennement corrélé à l'adiposité musculaire mesurée 20 mois après fécondation (0,34), cela montre que plus la femelle possède d'adiposité musculaire à 20 mois après fécondation, plus les œufs seront gros. En comparaison, la corrélation du poids d'un œuf avec l'adiposité musculaire à la ponte (à 21 mois après fécondation) est presque nulle (0,04), il n'y a donc aucun liens entre le poids d'un œuf et l'adiposité musculaire des femelles à la ponte. L'adiposité musculaire est également négativement corrélée à la fécondité relative (-0,39 à 20 mois après fécondation), ce qui indique que plus l'adiposité musculaire de la femelle est élevée, moins la femelle pondra d'œufs par kg de femelle. La corrélation entre l'adiposité musculaire et le RGS est toujours nulle ou non différents de 0, ces deux caractères sont indépendants.

Les corrélations génétiques de E8/E23 16 mois après fécondation sont nulles ou limitées alors que la corrélation 20 mois après fécondation est forte et négative avec la fécondité relative et le RGS (-0,63 et -0,45). La fécondité relative étant très fortement corrélée avec le RGS (0,89), il est donc normal que ces deux caractères évoluent de la même façon. Donc, plus la cavité abdominale est petite (moins il y a de gras viscéral), moins il y aura d'œufs par kg de femelle. La corrélation de E8/E23 avec la fécondité relative étant forte, E8/E23 mesurée 20 mois après fécondation pourrait donc être considéré comme un prédicteur de la fécondité relative. Pourtant, la corrélation entre E8/E23 mesurée en Juin est indépendante de la fécondité relative (0,16). Les corrélations génétiques de E8/E23 Septembre avec l'adiposité musculaire de Septembre et à la ponte sont fortes. Ce qui implique que lorsque la cavité abdominale est plus petite (moins il y a de réserve viscérale et plus le muscle abdominal est épais), les animaux ont plus

d'adiposité musculaire à 20 mois après la fécondation et à la ponte. E8/E23 est indépendante des autres caractères, les corrélations étant très faibles à nulles.

7) Paramètres génétiques, entre les critères de reproduction et le coefficient de condition

Tableau XII : Héritabilités, corrélations génétiques et phénotypiques des caractères de pontes et des coefficients de condition avec les héritabilités en diagonale, les corrélations phénotypiques sous la diagonale et les corrélations génétiques au dessus de la diagonale

| | Pds ponte pleine | Pds ponte vidée | Féc rel | Nb tot œufs | Pds tot œufs | Pds 1 œufs | RGS | K marquage | K Juin | K Sept |
|------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|
| Pds ponte pleine | 0,47(±0,06) | 0,98(±0,01) | -0,20(±0,12) | 0,62(±0,07) | 0,65(±0,06) | 0,28(±0,10) | -0,06(±0,11) | 0,47(±0,09) | 0,55(±0,08) | 0,39(±0,10) |
| Pds ponte vidée | 0,97 | 0,46(±0,06) | -0,37(±0,11) | 0,51(±0,08) | 0,57(±0,07) | 0,24(±0,10) | -0,20(±0,10) | 0,40(±0,09) | 0,50(±0,09) | 0,34(±0,10) |
| Féc rel | -0,18 | -0,33 | 0,35(±0,07) | 0,68(±0,07) | 0,53(±0,09) | -0,26(±0,12) | 0,89(±0,03) | 0,01(±0,12) | 0,03(±0,12) | 0,07(±0,12) |
| Nb tot œufs | 0,63 | 0,5 | 0,64 | 0,46(±0,06) | 0,89(±0,02) | -0,04(±0,10) | 0,62(±0,07) | 0,36(±0,10) | 0,41(±0,10) | 0,35(±0,10) |
| Pds tot œufs | 0,67 | 0,55 | 0,47 | 0,88 | 0,51(±0,06) | 0,43(±0,09) | 0,71(±0,05) | 0,42(±0,09) | 0,41(±0,09) | 0,40(±0,09) |
| Pds 1 œufs | 0,2 | 0,16 | -0,31 | -0,16 | 0,31 | 0,47(±0,06) | 0,18(±0,10) | 0,23(±0,10) | 0,13(±0,10) | 0,18(±0,10) |
| RGS | -0,09 | -0,23 | 0,84 | 0,58 | 0,68 | 0,17 | 0,51(±0,06) | 0,12(±0,11) | 0,06(±0,10) | 0,15(±0,11) |
| K marquage | 0,29 | 0,25 | 0,02 | 0,21 | 0,24 | 0,09 | 0,06 | 0,51(±0,05) | 0,80(±0,04) | 0,73(±0,06) |
| K Juin | 0,44 | 0,4 | 0,01 | 0,32 | 0,34 | 0,07 | 0,05 | 0,62 | 0,48(±0,06) | 0,85(±0,03) |
| K Sept | 0,34 | 0,28 | 0 | 0,23 | 0,26 | 0,09 | 0,05 | 0,54 | 0,71 | 0,46(±0,06) |

Les corrélations génétiques avec les différents coefficients de conditions sont du même ordre de grandeur. Elles sont très faibles voire nulles pour la fécondité relative (0,01-0,07) ainsi que pour le rendement gonado-somatique (0,06-0,15), faibles pour le poids d'un œuf (0,13-0,23) et intermédiaires pour le nombre total d'œufs (0,35-0,41) et le poids total d'œufs (0,40-0,42). Ces deux dernières caractéristiques étant fortement liées au poids des individus, il est normal que ces valeurs soient plus élevées.

V] Gains et réponses corrélative

1) Estimation des gains génétiques

Tableau XIII : Gains génétiques (+SE) des caractères de croissance, d'adiposité musculaire, coefficient de condition et des échographies par sélection massive ou généalogique sur candidat

| Pression de sélection | Caractéristique | Gain | Caractéristique | Gain | Pression de sélection |
|-----------------------|-----------------------------|--------------------|----------------------|------------------|-----------------------|
| 3% | Pds marquage (g) | 55,73 (+15,7%) | FAT Juin (%) | 1,97 (+25,7%) | 10% |
| | Pds Juin (g) | 352,03 (+20,1%) | FAT Sept (%) | 1,36 (+26,9%) | |
| | Pds Sept (g) | 544,40 (+21%) | FAT ponte (%) | 0,81 (+36,2%) | |
| | Pds ponte pleine (g) | 530,94 (+20,4%) | E8/E23 Juin | 0,006 (+4,6%) | 10% |
| | Pds ponte vidée (g) | 443,30 (+20,3%) | E8/E23 Sept | 0,012 (+10%) | |

| | | |
|----|-------------------|-----------------|
| 3% | K marquage | 0,12 (+10%) |
| | K Juin | 0,11 (+7,9%) |
| | K Sept | 0,10 (+7,1%) |

Les gains génétiques cités dans ces tableaux proviennent de sélections mono caractères. Les gains génétiques potentiels sur le poids et l'adiposité musculaire sont élevés, et ceux concernant la profondeur de la cavité abdominale et le coefficient de condition sont plus limités. Les gains génétiques potentiels sur les différents poids sont similaires. Seul le gain du poids au marquage est légèrement inférieur. Donc suivant l'évolution des gains potentiels lors de la croissance des individus, il serait plus intéressant de sélectionner les individus sur leur poids à partir de 16 mois après la fécondation, sélectionner sur le poids à 9 mois après la fécondation serait un peu moins efficace. Les valeurs obtenues pour le gain potentiel des différentes mesures de l'adiposité musculaire sont élevées. La plus élevée correspond à l'adiposité musculaire mesurée à la ponte (+36,2%), la sélection la plus pertinente aurait donc lieu sur les mesures de l'adiposité musculaire à la ponte. Les différents gains calculés pour les différentes mesures du coefficient de condition sont du même ordre de grandeur, contrairement aux gains génétiques potentiels calculés pour les mesures de la morphologie de la cavité abdominale à 16 et 20 mois après la fécondation. La mesure à 20 mois semble être la plus pertinente avec un gain potentiel de 10%. Ces pourcentages de gains sont normaux, le gain sur E8/E23 est un peu faible, mais cela est dû à une héritabilité limitée.

Tableau XIV : Gains génétiques (+SE) des caractères de reproductions pour une sélection généalogique sur collatéraux avec une pression de sélection de 30%

| Caractéristique | Gain | Pression de sélection |
|--------------------------------|----------------|-----------------------|
| Fec rel (nb œufs/kg) | 147,84 (+4,5%) | 30% |
| RGS (g d'œufs/kg) | 0,62 (+4,8%) | |
| Nb tot œufs (Nb d'œufs) | 463,70 (+6,5%) | |
| Pds tot œufs (g) | 25,46 (+7,5%) | |
| Pds d'un œuf (mg) | 0,027 (+5,1%) | |

Les gains génétiques potentiels estimés sont limités mais non nuls. Il est donc possible de sélectionner sur ces caractères.

2) Impact d'une sélection de croissance sur les performances de reproduction

Afin de regarder l'impact de la sélection sur la croissance sur les performances de reproduction, les gains génétiques pour les caractères de reproductions ont été estimés en fonction d'une sélection sur les différents poids mesurés lors de cette étude avec 3% de pression de sélection massale ou généalogique sur candidat.

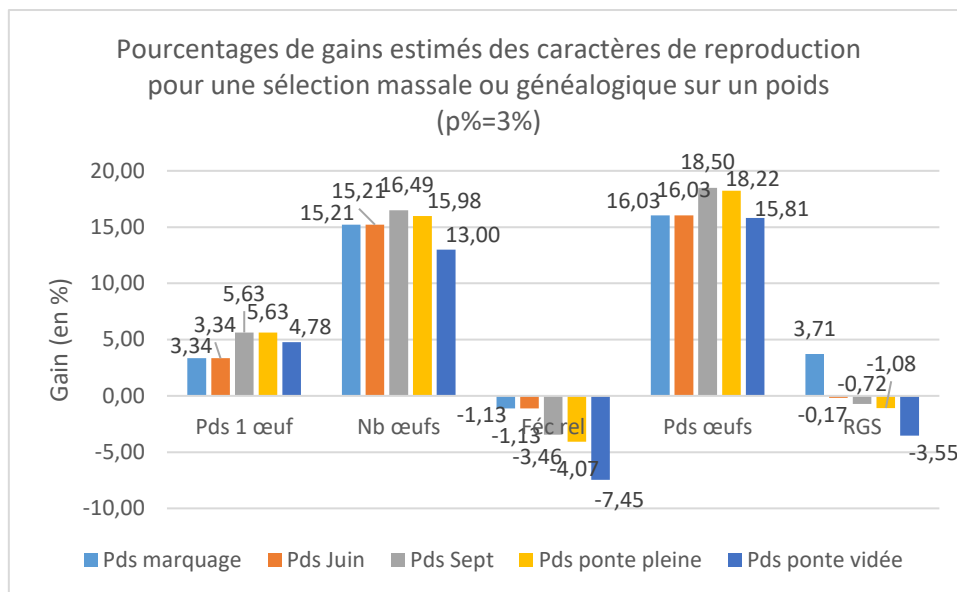


Figure XVI : Gain (en %) des caractères de reproduction pour une sélection massale ou généalogique à différents poids compris entre le marquage et la ponte avec une pression de 3%

Pour une sélection sur le poids, le poids d'un œuf, le nombre d'œufs et le poids total d'œufs ont un gain positif. La fécondité relative et le rendement gonado-somatique ont un gain négatif. Sélectionner sur le poids permettrait donc d'obtenir plus d'œufs plus gros mais en contrepartie, les femelles pondraient moins d'œufs par kg de femelle et le rapport entre le poids des gonades et le poids des individus baisserait également.

Les gains du poids d'un œuf, du nombre total d'œufs et du poids total d'œufs sont similaires quel que soit le poids sur lequel la sélection est effectuée. Les gains corrélés négativement de la fécondité relative et du rendement gonado-somatique chutes au cours du temps. Plus la sélection sur le poids est tardive, plus l'impact sur ces deux caractères sera important. Inversement, une sélection précoce sur le poids au marquage (355g, 9 mois), n'aurait pas d'impact sur la fécondité relative et améliorerait le RGS. En comparant les deux poids mesurés à la ponte, une sélection sur le poids de la femelle vidée a un impact plus important sur la fécondité relative et le rendement gonado-somatique qu'une sélection sur le poids à la ponte de la femelle pleine. La perte potentielle est presque multipliée par deux pour la fécondité relative (-4,07% -> -7,45%), et par trois pour le rendement gonado-somatique (1,08% -> -3,55%). La forte perte observée pour le poids à la ponte des femelles vidées s'explique par des corrélations négatives plus fortes avec la fécondité relative et le RGS qu'avec le poids de la femelle pleine.

3) Impact d'une sélection sur l'adiposité musculaire sur les performances de reproduction

La figure XVII montre qu'une sélection pour augmenter l'adiposité musculaire a pour conséquence un gain estimé positif en ce qui concerne le poids d'un œuf, le nombre d'œufs et le poids total d'œufs, et un gain estimé négatif pour la fécondité relative et le rendement gonado-somatique. Inversement, une sélection réduisant l'adiposité musculaire devrait impacter de façon opposée ces caractères. L'impact des différentes mesures d'adiposité musculaire n'est pas le même d'une caractéristique de reproduction à l'autre.

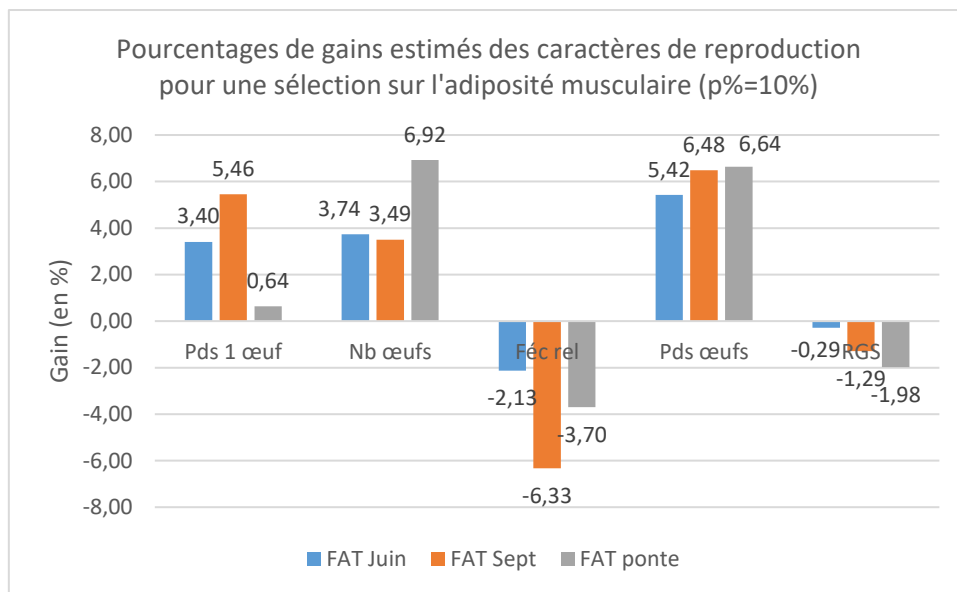


Figure XVII : Gain (en %) des caractères de reproduction pour une sélection massive ou généalogique sur une de trois mesures d'adiposité musculaire avec une pression de 10%

L'impact sur le poids total d'œufs des sélections sur les différentes mesures d'adiposité musculaire est le même. Pour le poids d'un œuf, une sélection sur les mesures effectuées 20 mois après fécondation est la plus efficace alors qu'une sélection sur les mesures à la ponte aurait pour conséquence un gain presque nul. Pour le nombre total d'œufs, une sélection sur l'adiposité musculaire à la ponte serait presque deux fois plus efficace (+3,49% -> 6,92%).

Pour les gains corrélés négativement, plus la sélection sur l'adiposité musculaire est tardive, plus le gain du rendement gonado-somatique estimé est négatif. Ce qui signifie que plus la mesure est tardive, plus le rapport du poids des gonades sur le poids des femelles sera faible. Pour la fécondité relative, une sélection sur les mesures à 16 mois permettrait une perte trois fois plus faible qu'une sélection sur les mesures à 20 mois. Une sélection sur les mesures à 20 mois entrainerait une perte de 6,33% du nombre d'œufs par kg de femelle.

4) Impact d'une sélection sur le coefficient de condition et la profondeur de la cavité abdominale sur les performances de reproduction

La figure XVIII montre que des sélections sur des coefficients de condition calculés à différents âges impactent de manière similaire les caractéristiques de reproduction. Le gain est positif et du même ordre de grandeur. Une sélection sur le coefficient de condition aurait donc pour effet des pontes avec environ 9 à 10% d'œufs en plus, 2 à 4% plus gros et dont le poids total aurait augmenté de presque 12%. Par contre l'impact serait beaucoup plus limité pour la fécondité relative et le RGS.

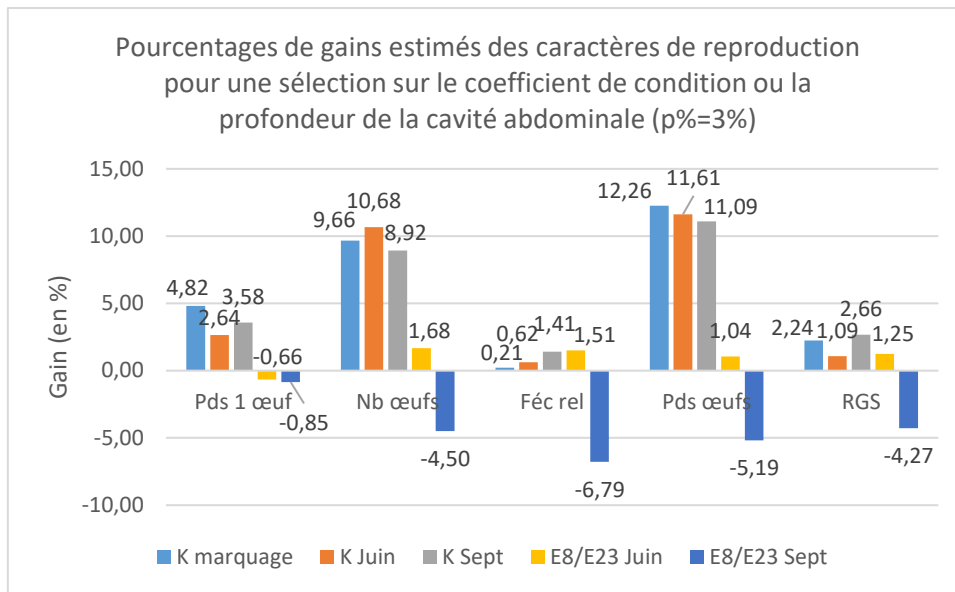


Figure XVIII : Gain (en %) des caractères de reproduction pour une sélection massale ou généalogique sur les différentes mesures de coefficients de condition et de profondeur de la cavité abdominale avec une pression de 3%

L'impact d'une sélection sur la morphologie de la cavité abdominale mesurée à 16 mois après fécondation est presque nul alors que pour une sélection sur les valeurs mesurées à 20 mois le gain est négatif. Cela signifie qu'une sélection sur des mesures de E8/E23 effectuées à 20 mois entrainerait des pontes avec environ 4,5% moins d'œufs, 6,8% moins d'œufs par kg de femelle, une baisse du poids total d'œufs de 5,2% et de 4,3% du rendement gonadosomatique.

5) Impact d'une sélection sur les caractères de reproduction sur les performances de reproduction

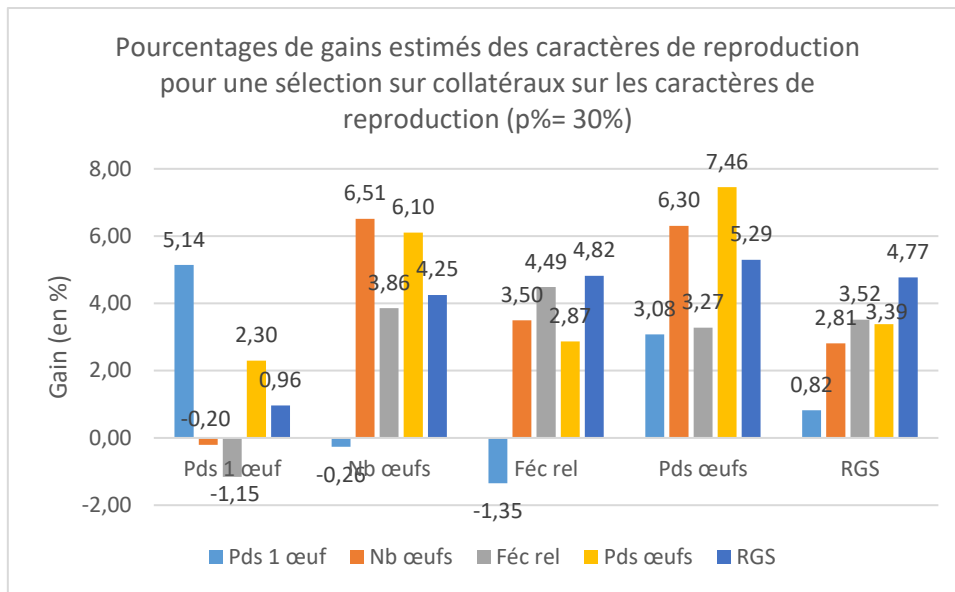


Figure XIX : Gain (en %) des caractères de reproduction pour une sélection généalogique sur collatéraux sur les caractères de reproduction avec une pression de 30%

L'impact d'une sélection sur le poids d'un œuf sur les performances de reproduction est variable. Les réponses corrélées du poids total d'œufs et du rendement gonado-somatique avec une sélection sur le poids d'un œuf sont positives alors qu'elle est négative pour la fécondité relative et presque nulle pour le nombre total d'œufs. Donc une sélection sur le poids d'un œuf entrainerait une augmentation de la taille des œufs de 5,1%, une hausse de 2,3% du poids total d'œufs, de 1% du rendement gonado-somatique ainsi qu'une diminution de 1,2% du nombre d'œufs par kg de femelle.

Une sélection sur le nombre total d'œufs aurait pour impact des gains corrélés positifs pour les autres caractères de reproductions sauf pour le poids d'un œuf pour lequel le gain serait presque nul. Sélectionner sur le nombre total d'œufs n'impacterait pas le poids d'un œuf, mais mènerait à une augmentation du nombre total d'œufs de 6,5%, du nombre d'œufs par kg de femelle de 3,9%, du poids total d'œufs de 6,1% et du rendement gonado-somatique de 4,3%.

L'impact d'une sélection sur la fécondité relative sur les performances de reproduction aurait pour conséquence des gains positifs en ce qui concerne le nombre total d'œufs (+4,5%), le poids total d'œufs (+ 2,9%) et le rendement gonado-somatique (+4,8%), mais une légère perte pour le poids d'un œuf (-1,4%).

Pour une sélection sur le poids total d'œufs, tous les gains corrélés sont positifs. Cela entrainerait une augmentation du poids d'un œuf de 3,1%, du nombre total d'œufs de 6,3%, du nombre d'œufs par kg de femelle de 3,3%, du poids total d'œufs de 7,5% et du rendement gonado-somatique de 5,3%.

Pour finir, si une sélection sur le rendement gonado-somatique est effectuée, les gains génétiques corrélés des caractères de reproduction seraient positifs. Avec une augmentation de 0,8% du poids d'un œuf, de 2,7% du nombre total d'œufs, de 3,4% du nombre d'œufs par kg de femelle, de 3,2% du poids total d'œufs et le gain du rendement gonado-somatique serait de +4,6%.

Discussion

- Un taux d'assignation de parenté élevé

En recherche génétique, il est important d'avoir une connaissance précise de la généalogie des individus afin d'estimer les paramètres génétiques (Dodds, Tate, and Sise 2005). L'assignation de parenté permet d'élever des familles ensemble, de les reconnaître sans avoir à investir dans des structures pour pouvoir élever les familles séparément (Vandeputte and Haffray 2014). Les taux d'assignations de la littérature pour différentes espèces sont compris entre 91% et 100% (Fishback et al. 2002; Saillant et al. 2006; Dupont-Nivet et al. 2008). Le taux d'assignation des individus étudiés est de 93,2%.

- Une procédure de traitement des images puissante

La première étape de cette étude consistait en une comparaison des morphologies des individus à partir de photographies prises en Juillet, lorsque les animaux étaient à 17 mois après fécondation. Les images récupérées sur ordinateur le jour de la prise des photographies ont ensuite été traitées avec Visilog®. Le protocole utilisé s'est avéré adéquate pour obtenir des mesures justes et répétables. La saisie des points remarquables reste cependant sujette à un effet manipulateur. Différentes personnes pourraient ne pas percevoir l'emplacement des points au même endroit bien que ceci n'ai pas été testé au cours du stage. Il y a également un effet jour qui pourrait entrer en compte, puisque le traitement des images s'est déroulé sur presque un mois, le manipulateur pourrait se fatiguer dû au travail répétitif sur un écran. 1835 images ont été traitées, il est donc possible qu'il y ait eu des erreurs de saisie. Avant l'utilisation de ces données, une vérification des données aberrantes est effectuée et les individus en questions sont éliminés de l'étude.

- La morphologie fin Mai ne permet pas de prédire phénotypiquement une performance de reproduction

Des analyses statistiques ont ensuite été effectuées. En commençant par de simples tests de corrélation entre les mesures relevées lors des biométries des caractéristiques de reproduction et des grandeurs et rapport morphologiques d'intérêt. Aucune donnée sur le sujet n'avaient encore été répertoriées. Aucune relation n'a été trouvée entre les caractères de reproduction et les grandeurs morphologiques testées, les R^2 des corrélations étant proches de 0. Le R^2 de la corrélation entre le rapport de la hauteur du ventre sur la hauteur du poisson en fonction de la fécondité relative était de 0,0025. Une visualisation des différents morphotypes et des analyses discriminantes ont ensuite été effectuées sous MorphoJ®. Les données aberrantes liées à la saisie des points (non liées aux biométries) sont dévalidées avec ce logiciel qui considère ces individus comme des « outliers ». Les différentes analyses lancées ont toutes montré que malgré que l'on prenne les individus extrêmes du point de vue des caractères de reproduction, le logiciel n'a trouvé aucun lien avec la morphologie. Lorsqu'un test de validation croisée est lancé, le logiciel classe dans deux lots différents les individus les plus extrêmes censés appartenir au même lot. Les P-values de ces tests étant supérieures à 5%, les tests n'étaient donc pas significatifs. Il faut tout de même noter que ces résultats ne sont valables que pour des photographies de truites arc-en-ciel femelles prises à 17 mois après fécondation.

- Des héritabilités de caractères de croissance et d'adiposité conforme aux héritabilités attendues

Les héritabilités des caractères de croissance ont été calculées à différents âges. Le poids a été mesuré et étudié au marquage (à 9 mois après fécondation), à 16 mois, à 20 mois

et deux fois à la ponte (à 21 mois après fécondation), la première fois la femelle pleine et ensuite la femelle vidée. Et le coefficient de condition avait été calculé au marquage, à 16 mois et à 20 mois après fécondation. Les héritabilités des poids sont intermédiaires (0,35 - 0,46), tout comme celles des coefficients de condition (0,46 - 0,51). Les héritabilités de poids évoluent de manière croissante au cours du temps pour se stabiliser vers 20 mois après fécondation. Les héritabilités des mesures d'échographie (E8/E23) sont limitées 0,17 à 16 mois et 0,22 à 20 mois. Ces valeurs sont cohérentes avec l'héritabilité trouvée par Haffray (Haffray et al. 2013) qui était de 0,24. Les héritabilités des mesures de l'adiposité musculaire sont intermédiaires (0,49 – 0,51).

- Des héritabilités des caractères de ponte intermédiaires et conformes à la littérature

Plusieurs caractères de ponte ont été utilisés : poids de la femelle avant ponte, poids de la femelle après ponte, nombre total d'œufs, poids total d'œufs, poids d'un œuf, la fécondité relative, le rendement gonado-somatique et l'adiposité musculaire à la ponte. Leurs héritabilités respectives sont : 0,47 ; 0,46 ; 0,46 ; 0,51 ; 0,47 ; 0,35 ; 0,51 ; 0,49. Ces héritabilités sont supérieures aux héritabilités calculées par Trong (Trong et al., 2013) qui était de 0,08 pour le nombre total d'œufs, 0,05 pour le poids total d'œufs et 0,05 pour la fécondité relative. Mais elles sont légèrement plus faibles que celles répertoriées par Su (Su et al., 1997), avec une héritabilité de 0,60 pour la taille d'un œuf et de 0,55 pour le nombre total d'œufs. Gall avait aussi trouvé des héritabilités inférieures pour la taille d'un œuf et le nombre total d'œufs (Gall 1975; Gall and Gross 1978), soit 0,20 et 0,32 pour la taille d'un œuf ainsi que 0,19 et 0,44 pour le nombre total d'œufs. Su et al ont également trouvé une héritabilité de la semaine de ponte de 0,65, qui est supérieure à la valeur trouvée dans cette étude qui est de 0,47. L'héritabilité de la date de ponte a également été calculée par (Gall et al., 1988), ils avaient trouvé une héritabilité de 0,38, soit inférieure à 0,47.

- Confirmation d'une baisse de corrélations génétiques entre poids mesurés à des âges éloignés

Les corrélations génétiques sur les caractères de croissance que sont les différents poids et coefficients de condition sont toutes élevées, ce qui est normal puisque le poids est facteur du coefficient de condition. Seul le poids au marquage est corrélé un peu moins fort avec les autres poids (0,67-0,69). Les autres poids sont corrélés entre eux avec une valeur supérieure à 0,9, ils sont donc équivalents. Mais le poids au marquage ne peut pas être considéré comme le même caractère que les autres poids.

- Corrélations génétiques entre les différentes caractéristiques de ponte

En ce qui concerne les corrélations génétiques entre les caractéristiques de ponte, la semaine de ponte est indépendante des caractères de ponte sauf du poids d'un œuf et de l'adiposité musculaire à la ponte. Il y a une corrélation de 0,68 entre la fécondité relative et le nombre d'œufs total, de -0,20 entre le poids de la femelle pleine à la ponte et la fécondité relative et de -0,37 entre le poids de la femelle vidée à la ponte et la fécondité relative.

Ces corrélations génétiques confirment les travaux antérieurs sur la même espèce entre le volume d'œufs collectés et leur nombre (0,77 à 0,98) et entre la taille et le nombre d'œufs (0,01 à 0,45) (Gall 1975; Gall and Gross 1978). Par contre nous observons ici une corrélation positive intermédiaire (0,43) entre le poids total d'œuf et le poids d'un œuf, contrairement aux valeurs rapportées antérieurement par ces auteurs entre le volume d'œufs collectés et la taille des œufs (0,04 à -0,59).

Ces valeurs diffèrent grandement de celles obtenues par Trong et al, (2013) qui avaient obtenu chez le Tilapia (*Oreochromis niloticus*) une corrélation de 0,99 entre le nombre total

d'œufs et la fécondité relative et une corrélation de -0,72 entre le poids à la récolte et la fécondité relative. Les corrélations diffèrent également pour le poids total d'œufs en fonction du nombre total d'œufs pour laquelle la valeur obtenue est de 0,89 dans notre étude alors qu'elle est de -0,74 chez le Tilapia, et entre les poids à la ponte et le poids d'un œuf dans cette étude (0,24-0,28) contre -0,48 chez le Tilapia à la récolte à 233-317g alors que la ponte est obtenue plus tardivement vers 402-697g.

- L'adiposité musculaire estimée en Juin n'est pas corrélée avec la production d'œufs (RGS)

La corrélation génétique entre les différentes mesures d'adiposité musculaire et le rendement gonado-somatique sont nulles. Cela signifie que l'adiposité musculaire ne conditionne pas le RGS. Les truites n'utilisent donc pas le gras contenu dans les muscles pour la formation de ses œufs dans les conditions expérimentales de cette étude. Cela implique qu'une sélection sur l'adiposité musculaire n'impacterait pas le RGS. Comme confirmé dans l'étude de réponse corrélée. Par contre une sélection au mois de Septembre pour augmenter le taux de gras pourrait sélectionner les animaux à moindre potentiel de fécondité relative. Notre travail montre donc que la date de sélection sur l'adiposité pourrait s'avérer déterminante afin de ne pas détériorer la fécondité relative.

- Corrélations génétiques entre E8/E23 et les caractères de ponte

E8/E23 est fortement lié au rendement éviscération (Haffray et al. 2013), il traduit donc la morphologie de la cavité abdominale. La corrélation entre E8/E23 à 16 mois après fécondation et E8/E23 à 20 mois après fécondation est proche de 0. Cela peut être dû à un effet mesureur, si deux personnes différentes ont mesurées les échographies, il se peut qu'ils n'aient pas mesurés de la même manière. De même, avec un seul mesureur, il est possible qu'avec quatre mois entre les deux mesures, il n'ait pas mesuré de la même manière. Une autre possibilité est qu'il y ait eu un changement de conformation durant ces quatre mois qui pourrait être dû à la maturation des individus. S'il y a réellement eu changement de conformation, il vaudrait peut être mieux que les échographies soient mesurées le plus près possible de la ponte.

La corrélation entre E8/E23 à 16 mois après fécondation avec la fécondité relative est de 0,16, alors qu'elle est de -0,63 à 20 mois. -0,63 étant une forte corrélation génétique, E8/E23 pourrait donc être considéré comme étant un prédicteur indirect de la fécondité relative. Une corrélation négative implique que si E8/E23 augmente, la cavité abdominale diminue, ce qui serait associé à une baisse de la fécondité relative. Inversement, si E8/E23 diminue, la cavité abdominale augmente ce qui pourrait avoir comme conséquence une augmentation de la fécondité relative. Les corrélations entre E8/E23 et l'adiposité musculaire à 20 mois après fécondation et à la ponte (21 mois) sont respectivement de 0,53 et 0,46. Une sélection pour réduire la cavité abdominale (pour améliorer le rendement éviscération) en Juin n'impacterait donc pas la fécondité relative ($r_g = 0,16$). Par contre, une sélection à la ponte pour augmenter le volume relatif de la cavité abdominale (diminution de E8/E23) permettrait d'augmenter la fécondité relative. Les animaux les plus adipeux musculairement à la ponte présenteraient la plus petite cavité abdominale (-0,53), la fécondité relative la plus faible (-0,63) et un moins bon RGS (-0,45). Sélectionner pour améliorer la fécondité relative ou le RGS pourrait donc conduire à une diminution des réserves adipeuses à la ponte.

- La morphologie en Juin n'interagit pas avec les performances de reproduction

Les corrélations génétiques entre les caractères de ponte et les différents coefficients de conditions mesurées se répartissent en deux groupes. Les corrélations entre les coefficients de condition et le nombre d'œufs ainsi qu'avec le poids total d'œufs qui sont

élevées, ce qui est normal puisque ces caractères de ponte sont fortement corrélés au poids qui fait partie du calcul du coefficient de condition. Ce n'est donc qu'un artefact mathématique. Le RGS et la fécondité relative sont eux indépendants des coefficients de condition (rg proches de 0) et donc de la morphologie générale ce qui confirme par la génétique notre échec à pouvoir prédire phénotypiquement les performances de ponte en utilisant la morphologie au mois de Juin.

- Une sélection sur la croissance tardive pourrait détériorer la fécondité relative et le RGS

La réponse corrélée des caractères de ponte à une sélection sur la croissance sont positifs pour le poids d'un œuf, le nombre d'œufs et le poids total d'œufs. Ceci signifie qu'une sélection sur la croissance augmenterait le nombre d'œufs pondus par individus ainsi que la taille des œufs, ce qui est normal puisque ces caractères sont corrélés phénotypiquement au poids. Une sélection sur la croissance l'année de la ponte devrait réduire la fécondité relative alors qu'une sélection plus précoce au stade portion à 9 mois ne devrait pas impacter ce caractère (-1,13% pour le poids à 10 et 15 mois, -3,46% à 18 mois, -4,07% à la ponte avec la femelle pleine et -7,45% à la ponte avec la femelle vidée). Une sélection pour la truite de grande taille devrait donc s'accompagner d'une baisse de fécondité relative, ce qui pose la question de l'intérêt de l'introduction de ce type de caractère dans ce type de lignée. Et donc l'intérêt d'une spécialisation de lignée destinée à la production de grandes truites. Par contre la corrélation limitée entre la croissance précoce et la fécondité relative pourrait donc permettre d'introduire ce caractère dans une lignée destinée à la production de truites portions. Une analyse plus précise de l'impact d'une éventuelle réduction de la fécondité relative sur la rentabilité des écloserie est cependant à conduire par rapport à des gains de croissance utile à la production de grandes truites. De même il serait intéressant d'analyser économiquement l'intérêt de limiter le gain de croissance génétique ou phénotypique pour maximiser la production d'œufs au niveau des écloseries.

Enfin on observe une détérioration plus forte du RGS et de la fécondité relative lorsque le poids est mesuré sur les femelles vidées par rapport aux femelles pleines avant la ponte. Cet effet est difficilement compréhensible, cependant on observe une augmentation de la corrélation entre ces caractères et le poids des femelles vidées à hérédités du poids équivalent. Ceci est étonnant car la corrélation génétique entre ces deux poids est élevée, néanmoins notre travail pourrait montrer que l'utilisation du poids vidée pourrait être privilégié comme caractère de poids à la ponte afin de mieux évaluer les interactions avec les autres caractères de reproduction.

- Une sélection sur le K ne devrait pas modifier la productivité

Une sélection sur le coefficient de condition aurait pour conséquence l'obtention de poissons plus trapus. Les gains étant positifs, sélectionner des poissons trapus devrait améliorer les performances de reproduction. Cependant, l'impact d'une sélection sur le K est limité pour l'amélioration du RGS et la fécondité relative, ce qui confirme notre difficulté à utiliser la morphologie générale en Juin comme prédicteur des performances de reproduction.

- Réponse des caractères de ponte pour une sélection sur les caractères de ponte

Globalement une sélection sur les caractères de reproduction est favorable aux autres caractères de reproduction. La seule exception étant qu'une sélection sur le poids d'un œuf serait néfaste pour la fécondité relative et une sélection sur la fécondité relative entraînerait une diminution de la taille des œufs. La question est de savoir s'il est préférable d'avoir plus de petits œufs, ou un peu moins d'œufs, mais qu'ils soient plus gros.

Conclusion et perspectives

Cette étude a permis de confirmer que les caractères de reproduction sont bien héréditaires dans une lignée de truites françaises. Il a aussi été mis en avant qu'une sélection sur la croissance précoce ne devrait pas détériorer les performances de reproduction contrairement à une sélection sur la croissance à la ponte.

Les valeurs absolues de corrélations génétiques plus élevées en Septembre avec le RGS et la fécondité relative traduisent un changement morphologique localisé (abdominal) des animaux. Outre l'utilisation potentielle de E8/E23 comme prédicteur de performances de ponte en Septembre, ce résultat pourrait justifier de caractériser plus précisément cette évolution morphologique afin de comprendre les mécanismes physiologiques impliqués. La prise de mesures d'échographies le plus proche possible de la ponte pourrait améliorer l'utilisation de E8/E23 comme prédicteur. E8/E23 étant un prédicteur du rendement éviscération, il serait possible d'effectuer un tri des poissons juste avant la ponte.


Dans le même ordre d'idée, si la morphologie des poissons évolue pendant la maturation des individus, il se pourrait que le travail effectué sur les photographies donne des résultats différents avec des photographies prises plus tardivement (entre 16 mois après fécondation et la ponte).

Notre travail précise des interactions entre critères d'adiposité musculaire et viscérale (indépendamment de la morphologie globale) avec les performances de reproduction. Il montre aussi que les interactions entre la croissance et les performances de reproduction est complexe en fonction du moment où est estimé le potentiel génétique de croissance. Ces éléments apportent de nouvelles informations sur l'efficacité et l'impact d'une sélection sur la croissance et les caractères d'adiposité sur les réponses des caractères de reproduction. Mais d'une façon générale nous rapportons peu de corrélations génétiques négatives fortes. De ce fait, l'introduction des caractères de reproduction dans les programmes de sélections actuels n'est pas justifiée par des risques de baisse rapide des performances, mais plus par une volonté d'amélioration de performance de ces caractères, sauf dans le cas d'une sélection sur la croissance tardive pour la production de grandes truites. Dans ce cas, l'intérêt du développement d'une lignée « maternelle » destinée à faire des œufs se pose, mais implique au préalable d'en estimer l'intérêt économique.

Bibliographie

- Dodds, Tate, and Sise. 2005. "Genetic Evaluation Using Parentage Information from Genetic Markers." *Journal of Animal Science* 83 (10): 2271. doi:10.2527/2005.83102271x.
- Dourin, Haffray, Vallet, and Fauconneau. 1998. "Détermination de la teneur en lipides des filets de truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss* par le Torry Fish Fat Meter®." *Sciences des aliments* 18 (5): 527–35.
- Dupont-Nivet, Mathilde, Marc Vandeputte, Alain Vergnet, Olivier Merdy, Pierrick Haffray, Hervé Chavanne, and Béatrice Chatain. 2008. "Heritabilities and GxE Interactions for Growth in the European Sea Bass (*Dicentrarchus Labrax* L.) Using a Marker-Based Pedigree." *Aquaculture* 275 (1–4): 81–87. doi:10.1016/j.aquaculture.2007.12.032.
- Fishback, Danzmann, Ferguson, and Gibson. 2002. "Estimates of Genetic Parameters and Genotype by Environment Interactions for Growth Traits of Rainbow Trout (*Oncorhynchus Mykiss*) as Inferred Using Molecular Pedigrees." *Aquaculture* 206 (3–4): 137–50. doi:10.1016/S0044-8486(01)00707-4.
- Fruciano, Tigano, and Ferrito. 2011. "Body Shape Variation and Colour Change during Growth in a Protogynous Fish." *Environmental Biology of Fishes* 94 (4): 615–22. doi:10.1007/s10641-011-9968-y.
- Gall, 1975. "Genetics of Reproduction in Domesticated Rainbow Trout." *Journal of Animal Science* 40 (1): 19. doi:10.2527/jas1975.40119x.
- Gall, Baltodano, and Huang. 1988. "Heritability of Age at Spawning for Rainbow Trout." *Aquaculture* 68 (2): 93–102. doi:10.1016/0044-8486(88)90233-5.
- Gall and Gross. 1978. "A Genetics Analysis of the Performance of Three Rainbow Trout Broodstocks." *Aquaculture* 15 (2): 113–27. doi:10.1016/0044-8486(78)90057-1.
- Gall, Graham, and Neira. 2004. "Genetic Analysis of Female Reproduction Traits of Farmed Coho Salmon (*Oncorhynchus Kisutch*)." *Aquaculture* 234 (1–4): 143–54. doi:10.1016/j.aquaculture.2004.01.029.
- Gjedrem, Endre, and Viggo. 1986. "Genetic Variation in Reproductive Traits in Atlantic Salmon and Rainbow Trout." *Aquaculture* 57 (1): 369.
- Gjerde, Bjarne. 1986. "Genetics in Aquaculture II Growth and Reproduction in Fish and Shellfish." *Aquaculture* 57 (1): 37–55. doi:10.1016/0044-8486(86)90179-1.
- Haffray, Bugeon, Rivard, Quittet, Puyo, Allamelou, Vandeputte, and Dupont-Nivet. 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 (October): 236–44. doi:10.1016/j.aquaculture.2013.06.016.
- Huang, and Gall. 1990. "Correlation of Body Weight and Reproductive Characteristics in Rainbow Trout." *Aquaculture* 86 (2): 191–200. doi:10.1016/0044-8486(90)90112-Z.
- Ouattara, 2015. Comparaison des modélisations morphométriques 2D et 3D pour prédire les rendements de découpe chez la daurade, mémoire de fin d'étude Agrocampu-ouest, 72 pages.
- Rohlf, and Leslie and Marcus. 1993. "A Revolution Morphometrics." *Trends in Ecology & Evolution* 8 (4): 129–32. doi:10.1016/0169-5347(93)90024-J.
- Kanis, Refstie, and Gjedrem. 1976. "A Genetic Analysis of Egg, Alevin and Fry Mortality in Salmon (*Salmo Salar*), Sea Trout (*Salmo Trutta*) and Rainbow Trout (*Salmo Gairdneri*)." *Aquaculture* 8 (3): 259–68. doi:10.1016/0044-8486(76)90088-0.
- Klingenberg, Peter. 2011. "MorphoJ: An Integrated Software Package for Geometric Morphometrics." *Molecular Ecology Resources* 11 (2): 353–57. doi:10.1111/j.1755-0998.2010.02924.x.
- Kovac, Groeneveld, 2003. VCE-5 User's Guide and Reference Manual Version 5.1, Institute of Animal Science, Federal Agricultural Research Center, Mariensee, Germany, 68 pp
- Nguyen, Ponzoni, Abu-Bakar, Hamzah, Khaw, and Yee. 2010. "Correlated Response in Fillet Weight and Yield to Selection for Increased Harvest Weight in Genetically Improved

- Farmed Tilapia (GIFT Strain), *Oreochromis Niloticus*." *Aquaculture* 305 (1–4): 1–5. doi:10.1016/j.aquaculture.2010.04.007.
- Saillant, Dupont-Nivet, Haffray, and Chatain. 2006. "Estimates of Heritability and Genotype–environment Interactions for Body Weight in Sea Bass (*Dicentrarchus Labrax* L.) Raised under Communal Rearing Conditions." *Aquaculture* 254 (1–4): 139–47. doi:10.1016/j.aquaculture.2005.10.018.
- Scharnweber, Watanabe, Syväranta, Wanke, Monaghan, and Mehner. 2013. "Effects of Predation Pressure and Resource Use on Morphological Divergence in Omnivorous Prey Fish." *BMC Evolutionary Biology* 13: 132. doi:10.1186/1471-2148-13-132.
- Su, Liljedahl, and Gall. 1997. "Genetic and Environmental Variation of Female Reproductive Traits in Rainbow Trout (*Oncorhynchus Mykiss*)." *Aquaculture* 154 (2): 115–24. doi:10.1016/S0044-8486(97)00050-1.
- Trọng, Van Arendonk, and Komen. 2013. "Genetic Parameters for Reproductive Traits in Female Nile Tilapia (*Oreochromis Niloticus*): II. Fecundity and Fertility." *Aquaculture* 416–417 (December): 72–77. doi:10.1016/j.aquaculture.2013.08.031.
- Vandeputte, and Haffray. 2014. "Parentage Assignment with Genomic Markers: A Major Advance for Understanding and Exploiting Genetic Variation of Quantitative Traits in Farmed Aquatic Animals." *Livestock Genomics* 5: 432. doi:10.3389/fgene.2014.00432.

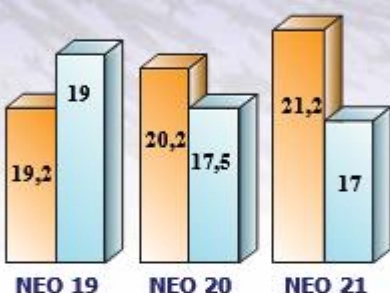


PROGRAMME NEO

Aliments complets extrudés pour grossissement de salmonidés

Composition : Farines de poissons, Huiles de poissons, Tourteau d'extraction de soja cuit, Blé, Gluten de blé, Huiles végétales, Pois, Graine de soja extrudée, Prémélange, Vitamines.
 Ces aliments intègrent la maîtrise du risque OGM et ne contiennent pas de produits d'animaux terrestres. Cette démarche est contrôlée par un organisme indépendant.

Profil énergétique



| Produit | NEO 19 | NEO 20 | NEO 21 |
|--------------|--------|--------|--------|
| ED (MJ/kg) | 19,2 | 20,2 | 21,2 |
| PD/ED (g/MJ) | 19 | 17,5 | 17 |

ED : énergie digestible
 PD/ED : rapport protéine digestible / énergie digestible.

| Diamètres disponibles | NEO 19 | NEO 20 | NEO 21 |
|-----------------------|--------|--------|---------|
| | 4 et 5 | 7 et 9 | 9 et 11 |

Profil nutritionnel indicatif

| | | | |
|---------------|------|------|------|
| Protéine (%) | 40 | 39 | 39 |
| Lipides (%) | 23 | 27 | 30 |
| Cellulose (%) | 2,4 | 2,3 | 1,8 |
| Cendres (%) | 6 | 6,8 | 6,5 |
| ENA (%) | 18,6 | 14,9 | 12,7 |
| Phosphore (%) | 1 | 0,95 | 0,92 |

Profil vitaminique

| | | | |
|---------------------------------|-------|-------|-------|
| Vit. A (UI.kg ⁻¹) | 10000 | 10000 | 10000 |
| Vit. D3 (UI .kg ⁻¹) | 1750 | 1750 | 1750 |
| Vit. E (mg.kg ⁻¹) | 200 | 200 | 300 |
| Vit. C (mg.kg ⁻¹) | 150 | 150 | 150 |

Profil lipidique (en % des lipides)

| | |
|---------------------|------|
| Ac. gras saturés | 24 |
| Ac. gras Δ_3 | 21 |
| Ac. gras Δ_6 | 9,7 |
| Δ_3/Δ_6 | 2,2 |
| EPA + DHA | 15,2 |

Valeurs non contractuelles, modifiables sans préavis - version 21.11.05

Table de nourrissage indicative (kg d'aliment / 100 kg de biomasse / jour)

| NEO | Diamètre (mm) | Poids du poisson (grammes) | Température de l'eau | | | | | | |
|-----|---------------|----------------------------|----------------------|-----|-----|------|------|------|------|
| | | | 5°C | 7°C | 9°C | 11°C | 13°C | 15°C | 17°C |
| 4 | 4,5 | 40 - 100 | 0,6 | 0,9 | 1,1 | 1,3 | 1,6 | 1,8 | 1,3 |
| 5 | 5,5 | 100 - 500 | 0,5 | 0,8 | 1 | 1,2 | 1,4 | 1,6 | 1,2 |
| 7 | 7,5 | 500 - 1000 | 0,4 | 0,6 | 0,8 | 0,9 | 1,1 | 1,3 | 0,9 |
| 9 | 9,5 | 1000 - 2000 | 0,4 | 0,5 | 0,7 | 0,8 | 1 | 1,2 | 0,8 |
| 9 | 9,5 | 2000 - 2500 | 0,3 | 0,4 | 0,5 | 0,6 | 0,8 | 0,9 | 0,6 |
| 11 | 11 | > 2500 | 0,3 | 0,3 | 0,4 | 0,5 | 0,6 | 0,7 | 0,5 |


Les taux de nourrissage sont basés sur la valeur nutritionnelle de l'aliment et doivent être adaptés aux conditions locales des élevages.

Supplémentations diverses : vitamine C, stimulant, protophyt aqua.

Pigmentation : 25, 32, 50 ppm d'astaxanthine.

Flottabilité : coulants, semi-flottants ou flottants sur demande.

Conditionnements : sacs de 25 kg, big bags, vrac.



SICA DU GOUESSANT - Z.I. - B.P. 40228 - 22402 LAMBALLE Cedex
Société coopérative d'intérêt collectif à forme civile et capital variable. RCS Saint-Brieuc 335 957 358
 Tél. : +33 (0)2 96 30 74 74 - Fax : +33 (0)2 96 30 74 32
 Site Web : aqua.legouessant.com - E mail : contact.aqua@legouessant.fr

LE GOUESSANT AQUACULTURE

INF'eau N° 12

7

Annexe II : Définition des points remarquables

| Point | Emplacement | Point | Emplacement |
|-----------|--|-----------|--|
| 1 | Extrémité du museau | 15 | Intersection entre la verticale du point 13 et le dos |
| 2 | Haut de l'œil | 16 | Fin de la nageoire dorsale |
| 3 | Bas de l'œil | 17 | Intersection entre la verticale du point 16 et la ligne latérale |
| 4 | Extrémité dorsale de l'opercule | 18 | Intersection entre la verticale du point 16 et le ventre |
| 5 | Intersection de la tête avec la ligne latérale | 19 | Base de la nageoire anale |
| 6 | Epine operculaire | 20 | Intersection entre la verticale du point 19 et la ligne latérale |
| 7 | Base de la nageoire pectorale | 21 | Intersection entre la verticale du point 19 et le dos |
| 8 | Extrémité ventrale de l'opercule | 22 | Base de la nageoire adipeuse |
| 9 | Base de la mâchoire | 23 | Fin de la nageoire anale |
| 10 | Base de la nageoire dorsale | 24 | Extrémité dorsale de la queue |
| 11 | Intersection entre la verticale du point 10 et la ligne latérale | 25 | Intersection entre la verticale du point 24 et la ligne latérale |
| 12 | Intersection entre la verticale du point 10 et le ventre | 26 | Intersection entre la verticale du point 24 et le ventre |
| 13 | Base de la nageoire ventrale | 27 | Intersection entre la ligne latérale et la queue |
| 14 | Intersection entre la verticale du point 13 et la ligne latérale | 28 | Milieu de la fourche |

Annexe III : Tableaux répertoriant les gains des caractères de ponte pour différents types de sélections

Tableau XV : Réponses (en unités phénotypiques) des caractères de ponte pour une sélection sur la croissance

| | Pds 1 œuf | Nb œufs | Féc rel | Pds œufs | RGS |
|------------------|-----------|---------|---------|----------|-------|
| Moyenne | 0,53 | 7122 | 3295,5 | 341,4 | 13,2 |
| Pds marquage | 0,548 | 8205,56 | 3258,37 | 396,13 | 13,69 |
| Pds Juin | 0,548 | 8205,56 | 3258,37 | 396,13 | 13,18 |
| Pds Sept | 0,560 | 8296,55 | 3181,47 | 404,56 | 13,11 |
| Pds ponte pleine | 0,560 | 8259,85 | 3161,35 | 403,60 | 13,06 |
| Pds ponte vidée | 0,555 | 8047,96 | 3049,97 | 395,36 | 12,73 |

Tableau XVI : Réponses (en %) des caractères de ponte pour une sélection sur la croissance

| | Pds 1 œuf | Nb œufs | Féc rel | Pds œufs | RGS |
|------------------|-----------|---------|---------|----------|-------|
| Moyenne | 0,53 | 7122 | 3295,5 | 341,4 | 13,2 |
| Pds marquage | 3,34 | 15,21 | -1,13 | 16,03 | 3,71 |
| Pds Juin | 3,34 | 15,21 | -1,13 | 16,03 | -0,17 |
| Pds Sept | 5,63 | 16,49 | -3,46 | 18,50 | -0,72 |
| Pds ponte pleine | 5,63 | 15,98 | -4,07 | 18,22 | -1,08 |
| Pds ponte vidée | 4,78 | 13,00 | -7,45 | 15,81 | -3,55 |

Tableau XVII : Réponses (en unités phénotypiques) des caractères de ponte pour une sélection sur l'adiposité musculaire

| | Pds 1 œuf | Nb œufs | Féc rel | Pds œufs | RGS |
|-----------|-----------|---------|---------|----------|-------|
| Moyenne | 0,53 | 7122 | 3295,5 | 341,4 | 13,2 |
| FAT Juin | 0,548 | 7388,16 | 3225,24 | 359,90 | 13,16 |
| FAT Sept | 0,559 | 7370,90 | 3086,80 | 363,54 | 13,03 |
| FAT ponte | 0,533 | 7614,79 | 3173,66 | 364,07 | 12,94 |

Tableau XVIII : Réponses (en %) des caractères de ponte pour une sélection sur l'adiposité musculaire

| | Pds 1 œuf | Nb œufs | Féc rel | Pds œufs | RGS |
|-----------|-----------|---------|---------|----------|-------|
| Moyenne | 0,53 | 7122 | 3295,5 | 341,4 | 13,2 |
| FAT Juin | 3,40 | 3,74 | -2,13 | 5,42 | -0,29 |
| FAT Sept | 5,46 | 3,49 | -6,33 | 6,48 | -1,29 |
| FAT ponte | 0,64 | 6,92 | -3,70 | 6,64 | -1,98 |

Tableau XIX : Réponses (en unités phénotypiques) des caractères de ponte pour une sélection sur la morphologie (K et E8/E23)

| | Pds 1 œuf | Nb œufs | Féc rel | Pds œufs | RGS |
|-------------|-----------|---------|---------|----------|-------|
| Moyenne | 0,53 | 7122 | 3295,5 | 341,4 | 13,2 |
| K marquage | 0,556 | 7810,22 | 3302,49 | 383,27 | 13,50 |
| K Juin | 0,544 | 7882,41 | 3315,84 | 381,05 | 13,34 |
| K Sept | 0,549 | 7757,46 | 3341,95 | 379,27 | 13,55 |
| E8/E23 Juin | 0,527 | 7241,52 | 3345,42 | 344,96 | 13,37 |
| E8/E23 Sept | 0,525 | 6801,51 | 3071,88 | 323,68 | 12,64 |

Tableau XX : Réponses (en %) des caractères de ponte pour une sélection sur la morphologie (K et E8/E23)

| | Pds 1 œuf | Nb œufs | Féc rel | Pds œufs | RGS |
|-------------|-----------|---------|---------|----------|-------|
| Moyenne | 0,53 | 7122 | 3295,5 | 341,4 | 13,2 |
| K marquage | 4,82 | 9,66 | 0,21 | 12,26 | 2,24 |
| K Juin | 2,64 | 10,68 | 0,62 | 11,61 | 1,09 |
| K Sept | 3,58 | 8,92 | 1,41 | 11,09 | 2,66 |
| E8/E23 Juin | -0,66 | 1,68 | 1,51 | 1,04 | 1,25 |
| E8/E23 Sept | -0,85 | -4,50 | -6,79 | -5,19 | -4,27 |

Tableau XXI : Réponses (en unités phénotypiques) des caractères de ponte pour une sélection sur les caractères de reproduction

| | Pds 1 œuf | Nb œufs | Féc rel | Pds œufs | RGS |
|-----------|-----------|---------|---------|----------|-------|
| Moyenne | 0,53 | 7122 | 3295,5 | 341,4 | 13,2 |
| Pds 1 œuf | 0,557 | 7103,25 | 3250,96 | 351,91 | 13,31 |
| Nb œufs | 0,529 | 7585,70 | 3410,75 | 362,92 | 13,57 |
| Féc rel | 0,524 | 7397,05 | 3443,34 | 352,58 | 13,66 |
| Pds œufs | 0,542 | 7556,55 | 3390,08 | 366,86 | 13,65 |

Tableau XXII : Réponses (en %) des caractères de ponte pour une sélection sur les caractères de reproduction

| | Pds 1 œuf | Nb œufs | Féc rel | Pds œufs | RGS |
|-----------|-----------|---------|---------|----------|------|
| Moyenne | 0,53 | 7122 | 3295,5 | 341,4 | 13,2 |
| Pds 1 œuf | 5,14 | -0,26 | -1,35 | 3,08 | 0,82 |
| Nb œufs | -0,20 | 6,51 | 3,50 | 6,30 | 2,81 |
| Féc rel | -1,15 | 3,86 | 4,49 | 3,27 | 3,52 |
| Pds œufs | 2,30 | 6,10 | 2,87 | 7,46 | 3,39 |

Annexe IV : Résultats de l'analyse discriminante sur le caractère poids d'un œuf

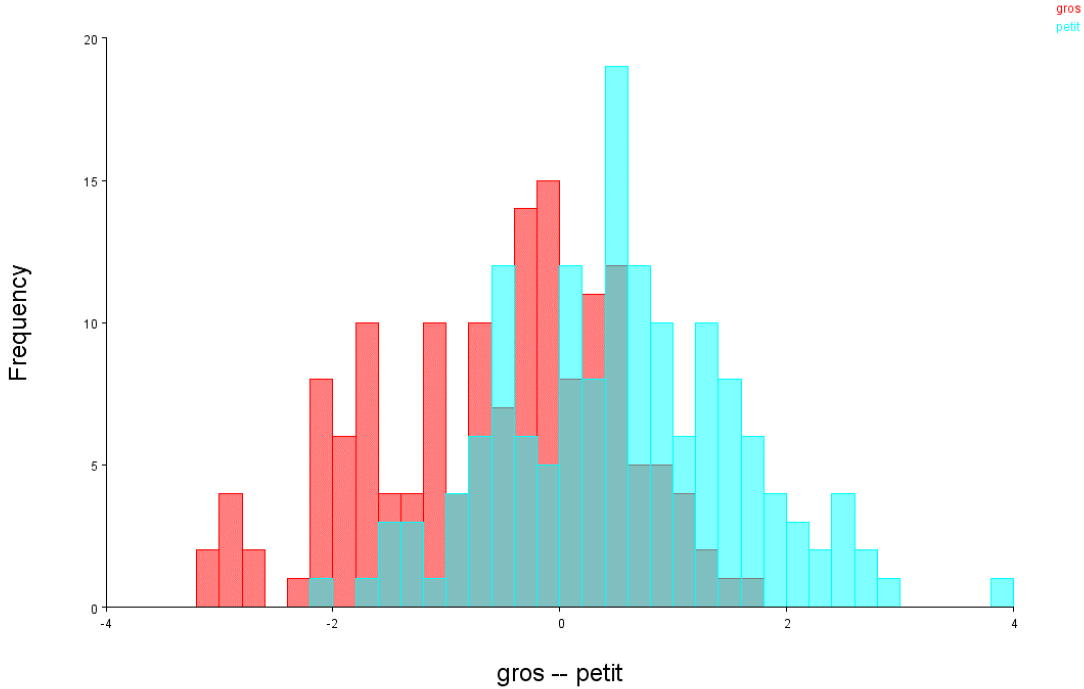


Figure XX : Analyse discriminante de lots extrêmes sur la taille d'un œuf

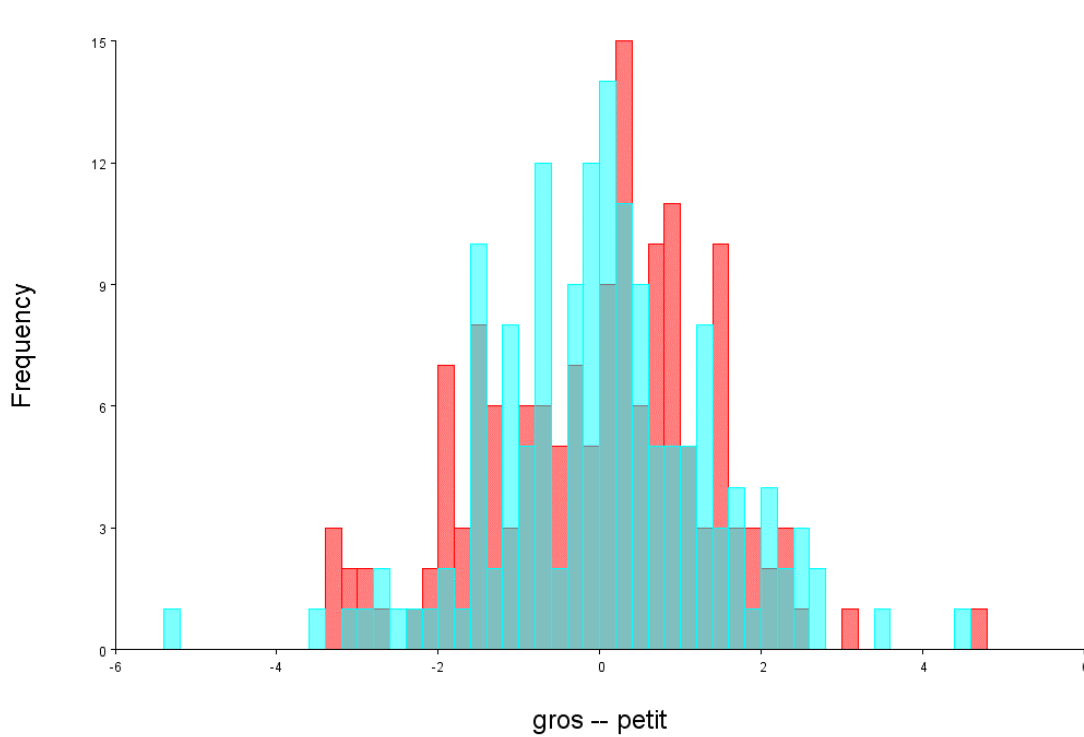


Figure XXI : Validation croisée en parallèle de l'analyse discriminante sur la taille d'un œuf

Discriminant Function Analysis 'Discriminant function ...'

Comparison : gros -- petit

Difference between means:

Procrustes distance : 0,00376330

Mahalanobis distance : 1,0620

T-square : 84,5815, P-value (parametric) : 0,3648

Classification/misclassification tables

Group 1 : gros

Group 2 : petit

From discriminant function :

| True Group | Allocated to | | Total |
|------------|--------------|---------|-------|
| | Group 1 | Group 2 | |
| Group 1 | 101 | 49 | 150 |
| Group 2 | 42 | 108 | 150 |

From cross-validation:

| True Group | Allocated to | | Total |
|------------|--------------|---------|-------|
| | Group 1 | Group 2 | |
| Group 1 | 67 | 83 | 150 |
| Group 2 | 72 | 78 | 150 |

Annexe V : Résultats de l'analyse discriminante sur le caractère de la fécondité relative

Discriminant Function Analysis 'Discriminant function ...'

Comparison : hyperfecond -- hypofecond

Difference between means :

Procrustes distance : 0,00276483

Mahalanobis distance : 1,1805

T-square : 104,5248, P-value (parametric) : 0,0760

Classification/misclassification tables

Group 1 : hyperfecond


Group 2 : hypofecond

From discriminant function :

| True Group | Allocated to | | Total |
|---------------|--------------|---------|-------|
| | Group 1 | Group 2 | |
| Group 1 | 108 | 42 | 150 |
| Group 2 | 39 | 111 | 150 |

From cross-validation:

| True Group | Allocated to | | Total |
|---------------|--------------|---------|-------|
| | Group 1 | Group 2 | |
| Group 1 | 78 | 72 | 150 |
| Group 2 | 69 | 81 | 150 |

| | |
|--|---|
|  | Diplôme : Ingénieur Agronome Spécialité : Halieutique Spécialisation / option : Production et Valorisation des produits Halieutique (PVH) Enseignant référent : Le Bris Hervé |
| Auteur(s) : LEBEAU Alexandre Date de naissance* : 09/04/1992 | Organisme d'accueil : SYSAAF Adresse : SYSAAF, Laboratoire de physiologie et génomique des poissons (LPGP), campus de beaulieu, bâtiment 16a, allée Henri Fabre, 35042 Rennes Cedex. |
| Nb pages : 42 Annexe(s) : 3 | |
| Année de soutenance : 2016-2017 | Maître de stage : HAFFRAY Pierrick |
| Titre français : Paramètres génétiques et recherche de prédicteurs des caractères de ponte et de développement embryonnaire chez la truite arc-en-ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>) | |
| Titre anglais : Genetic parameters and research of spawn predictor and embryonic development rainbow on rainbow trout (<i>Oncorhynchus mykiss</i>) | |
| Résumé (1600 caractères maximum) : Ce stage a été conduit dans le cadre du projet BestOv coordonné par le SYSAAF en partenariat avec l'INRA et l'entreprise Les Sources de l'Avance. Ces objectifs étaient : <ul style="list-style-type: none"> - D'estimer les paramètres génétiques de caractères de ponte - D'estimer les corrélations génétiques entre ces caractères et le développement précoce avec la croissance, la morphologie et les réserves adipeuses. 600 familles ont été créées à partir de 10 croisements semi-factoriels de 6 mères avec 10 pères. Trois biométries ont été réalisées, à 16 mois, 20 mois et 21 mois après fécondation. Des mesures phénotypiques ont été réalisées (poids, longueur, FAT et échographie). Des données de performances de ponte ont été mesurées à la ponte (nombre d'œufs, poids total d'œufs et poids d'un œuf). Le RGS, la fécondité relative et le coefficient de condition ont été calculés à partir de ces données. A partir de photographies réalisées 17 mois après la fécondation, la morphologie des individus a été étudiée. Des lots d'individus extrêmes (n=150) pour chacun des caractères de ponte n'ont pas permis d'identifier des morphologies associées à ces différences. La morphologie à 17 mois n'est donc pas prédictive des performances de reproduction à 22 mois. Les héritabilités des caractères de pontes sont intermédiaires (0,35 – 0,51), comme celle de la semaine de ponte (0,47). Une corrélation de cette dernière avec le poids d'un œuf (0,53) et le FAT à la ponte (-0,49) ont été estimés. E8/E23 mesuré en Septembre se révèle être un bon prédicteur de la fécondité relative (rg = -0,63). Les résultats acquis montrent qu'une sélection sur la croissance au stade portion ne devrait pas altérer les performances de reproduction. Au contraire d'une sélection pour la croissance tardive destinée à la production de grandes truites. | |
| Abstract (1600 caractères maximum) : This internship was conducted as part of the BestOv project, lead by the SYSAAF. The internship objectives related to the BestOv project were : <ul style="list-style-type: none"> - Estimation of genetic parameters for reproductive and spawning traits - Estimate genetic correlations between spawning traits and growth, morphology and level of fat reserve Results presented comes from an artificial insemination. 600 families have been created from 10 semi-factorial crosses of 6 females with 10 males. Three biometrie were done, at 16 months, 20 months and 21 months after fertilization. Phenotypic measures were determined (weight, length, fat and ultrasound). Spawning performance data were measured at spawning (egg number, eggs total weight, egg size). The gonadosomatic yield, relative fecundity and K were calculated from these data. From photos taken 17 months after fertilization, individuals morphology was studied. Individuals from extream lots (n=150) for each spawning traits, were analysed by discriminante analyzes. No link was found between spawning traits and morphology for trouts 17 months after fertilization. Heritabilities of spawning traits were intermediate (0.35 – 0.51). Heritability of the spawning date (0.47) and correlation of the latter with the egg weight (0.53) and with the fat at spawning (-0.49) were estimated. E8/E23 proved to be a good predictor of relative fecundity (rg = -0.63). Gains and correlated responses between spawning traits were positive, except for the correlated response of the egg size with relative fecundity. Selection for pan size trou twill not deteriorate females reproductives and spawning traits. Selection for large trout may deteriorate gonado somatic index and relative fécondity. | |
| Mots-clés : Truite arc-en-ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>), morphologie, héritabilités, corrélations génétiques, gain par sélection Key Words : Rainbow trout (<i>Oncorhynchus mykiss</i>), morphology, heritabilities, genetics correlations, gain under selection | |