

CARTOGRAPHIE PAR RAD-SEQUENCING DE QTL A L'ORIGINE DE NEOMALES SPONTANES CHEZ LA TRUITE ARC-EN-CIEL

R. Guyomard¹, M. Bernard^{1,3}, N. Dechamp¹, A. Charlet¹, C. Hervet¹, C. Chantry-Darmon⁴, F. Krieg¹, Y. Guiguen², E. Quillet¹

¹ GABI, INRA, AgroParisTech, Université Paris-Saclay, 78350 Jouy-en-Josa, France

² UMR 1037 LPGP, INRA, F- 35042 Rennes, France

³ Sigeneae, F-78350 Jouy-en-Josas, France

⁴ LABOGENA DNA, F-78350 Jouy-en-Josas, France

Résumé

Chez la truite arc-en-ciel (*O. mykiss*), le sexe est gouverné selon un déterminisme de type mâle hétérogamétique (femelle XX-mâle XY). L'observation répétée de mâles spontanés dans des populations monosexes femelles, en particulier dans des descendances gynogénétiques haploïdes doublées, suggèrent cependant la présence, dans le génome de la truite, de facteurs masculinisants mineurs (Quillet *et al.*, 2002).

Pour explorer le déterminisme de ces masculinisations spontanées, nous avons croisé un néomâle spontané haploïde-doublé XX avec une femelle standard. Deux femelles F1 ainsi obtenues ont été reproduites par gynogenèse mitotique. Leurs descendants haploïdes doublés (n=168) ont été sexés par observation visuelle des deux gonades. L'ensemble des individus (grand-parents, F1 et descendants) ont été génotypés dans un premier temps par 277 microsatellites puis par RAD-sequencing.

Différents phénotypes gonadiques ont été observés : individus avec 2 gonades femelles (48.8%), 2 gonades mâles (23.8%) ou présentant au moins une gonade intersexuée (27.4%). Au total 9500 RAD-SNP validés et 277 microsatellites ont pu être localisés sur une carte génétique de 2860cM. La détection de QTL a été réalisée avec le logiciel QTLMap (Filangi *et al.*, 2010), en codant les phénotypes sexuels par catégorie.

Plusieurs régions QTL ont été détectées sur différents chromosomes, confirmant l'existence, dans le génome de la truite, de facteurs masculinisants susceptibles de contribuer aux écarts de sex-ratio observés par rapport au système XX/XY. Des investigations complémentaires sont nécessaires pour identifier les gènes impliqués et déterminer si l'exploitation de ces facteurs masculinisants, combinés aux effets masculinisants d'une exposition précoce à des températures élevées (Valdivia *et al.*, 2014) pourrait constituer la base d'une stratégie de production de néomâles ne nécessitant pas l'utilisation d'un traitement hormonal précoce.

Références

Filangi O., Moreno C., Gilbert H., Legarra A., Le Roy P., Elsen J.M., 2010. QTLMAP, a software for QTL detection in outbred populations. In: *Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*: 1–6 August, Leipzig, Germany: n°787.

Quillet E., Aubard G., Quéau I., 2002. Mutation in a sex-determining gene in rainbow trout: detection and genetic analysis. *Journal of Heredity*, 93: 91-99.

Valdivia K., Jouanno E., Volff J-N., Galiana-Arnoux D., Guyomard R., Helary L., Mourot B., Fostier A., Quillet E., Guiguen Y., 2014. High temperature increases the masculinization rate of an all-female (XX) rainbow trout population with a genetically governed masculinized phenotype. *PLoS ONE*, 12 : e113355.

Cette étude a reçu des fonds ANR (projet Sexytrout ANR-08-GENM-031-02)