

ESTIMATION DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE ENTRE ET INTRA LIGNÉES FRANÇAISES DE TRUITE ARC-EN-CIEL

J. D'Ambrosio^{1,2}, F. Phocas¹, P. Haffray², E. Quillet¹, A. Bestin², C. Fraslin¹, N. Dechamp¹, M. Dupont-Nivet¹

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

² SYSAAF, Station INRA/LPGP, Campus de Beaulieu, 35042 Rennes cedex, France

Les lignées de truite arc-en-ciel sont sélectionnées en France en populations fermées à minima depuis les années 1990. Une forte intensité de sélection peut réduire nettement la variabilité génétique. Or, cette variabilité est garante du progrès génétique à long terme et de la capacité de la lignée à l'adaptation aux changements par exemple d'environnement. De plus, une augmentation rapide du niveau de consanguinité qui accompagne la perte de diversité génétique peut entraîner des phénomènes de dépression de consanguinité, c'est-à-dire l'expression d'allèles récessifs à effets délétères sur la reproduction, la survie ou les performances de production des individus. Les possibilités récentes de génotypage haut débit permettent de revisiter l'analyse de la diversité génétique, notamment en ayant une vision beaucoup plus exhaustive sur l'ensemble du génome et de son évolution en comparaison des classiques analyses de pedigree. Les objectifs de l'étude sont d'évaluer la diversité génétique des populations commerciales ou expérimentales françaises à travers divers indicateurs génomiques. La diversité génétique entre les lignées est appréciée à l'aide d'une analyse en composantes principales et d'une mesure de différenciation génétique (F_{ST}). La diversité génétique intra lignée est estimée (i) par la taille efficace de la population évaluée à partir du déséquilibre de liaison observé entre marqueurs, (ii) par le niveau moyen de consanguinité calculé à partir des longs segments génomiques homozygotes chez les animaux : ROH.

Au total, 290 individus ont été génotypés (32 à 49 par lignée) appartenant à 4 lignées commerciales françaises (SA, SB, SC et SD) et 2 lignées expérimentales INRA (SY et SU) à l'aide de la puce AxionTM Trout Genotyping contenant 57501 SNPs et 38 350 après contrôle qualité. La lignée synthétique (SY) a été créée à partir de plusieurs populations domestiques durant les années 1980 pour constituer et entretenir sans sélection une lignée ayant une grande variabilité génétique. La lignée Suave (SU) a été créée en 2006 à partir de la lignée synthétique (SYn), elle est sélectionnée pour la survie et la croissance avec une alimentation 100% végétale. Des individus de la 5^e génération de sélection de SU ont été génotypés. Pour les lignées commerciales, les individus proviennent de la 5^e à la 9^e génération de sélection avec un maximum estimé de consanguinité par le pedigree inférieur à 0,5 % par génération.

Nos résultats montrent une différenciation modérée entre les lignées commerciales avec un F_{ST} de 0.08 à 0.15. Les effectifs efficaces N_e des reproducteurs de la génération génotypée sont faibles dans toutes les lignées et inférieures aux recommandations de la FAO. Le niveau moyen de consanguinité totale estimée à partir des ROHs varie de 10.0% (SY) à 19.5% (SB). Une stabilisation ou une augmentation de N_e est observée depuis 3 générations pour les lignées SA, SB, SC probablement liée à l'optimisation des accouplements introduite par le SYSAAF pour gérer la consanguinité. Ce travail montre donc une différence importante entre les valeurs de consanguinité estimées selon les indicateurs utilisés. L'utilisation de nombreux marqueurs génétiques donne une vision beaucoup plus complète que l'utilisation des pedigrees et révèle des événements antérieurs à la gestion rationnelle des lignées tels qu'un effet fondateur. Ces résultats sont décrits plus en détail dans le papier de D'Ambrosio et al. (2019).

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

Ce travail a été réalisé dans le cadre du projet « 57K-Truite » co-financé par FranceAgrimer (N°2015-0638) et du projet « SG-Truite » co-financé par le FEAMP (RFEA47 0016 FA 1000016) et l'ANR (n°2017/0239).