

MASCULINISATION SPONTANEE CHEZ LA TRUITE ARC-EN-CIEL : DE NOUVELLES REGIONS DU GENOME IDENTIFIEES

Fraslin Clémence¹, Anastasia Bestin², Nicolas Dechamp¹, Francine Krieg¹, Elodie Belmonte³, Charles Poncet³, Philippe Hocdé⁴, Pierrick Haffray², Yann Guiguen⁵, Florence Phocas¹ et Edwige Quillet¹

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

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

³INRA, UMR1095, Gentyane, 63000 Clermont-Ferrand, France

⁴Charles MURGAT Pisciculture, 38270 Beaufort, France

⁵INRA, UR1037 Laboratoire de Physiologie et de Génomique des poissons, 35042 Rennes, France

Le sexe chez la truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*) est gouverné par un système de type mâle hétérogamétique dont le déterminant majeur (sdY) est localisé sur le chromosome 29 de la truite, Omy29 (Yano et al., 2012). Ce déterminisme simple a permis la production de populations de truite monosexes femelles, largement exploitées dans la filière trutticole française afin de s'affranchir des problèmes liés à la maturation sexuelle précoce des animaux mâles. Ces populations sont obtenues par croisement entre des femelles standard et des « néomâles », femelles génétiques masculinisées par traitement hormonal précoce. Cependant, l'observation répétée de mâles spontanés dans ces populations suggère l'existence d'autres facteurs de contrôle du sexe. Une série de travaux expérimentaux ayant montré que le taux de masculinisation spontanée pouvait dépendre à la fois de facteurs génétiques et de la température d'alevinage (Quillet et al., 2002 ; Valdivia et al, 2014), nous avons exploré les bases génétiques de la masculinisation spontanée et l'effet de la température sur ce caractère dans une population d'élevage.

Deux lots de 10 000 truites monosexes femelles issues d'un même croisement (5 factoriels, 10 femelles x 10 néomâles) ont été élevés à 12°C à la pisciculture « Les Fils de Charles Murgat ». En fin de résorption, un des lots a été exposé à 18°C pendant 1100 degrés-jours. Les deux lots ont ensuite été élevés à température identique (12 -14.5°C) jusqu'au sexage selon 3 catégories : femelle témoin (2 ovaires normaux), intersexué (au moins une gonade intersexuée) et mâle (2 gonades mâles). Les mâles (n=162), les intersexués (n=132) et 858 femelles ont été génotypés avec la puce 57K SNP Axiom™ Trout Genotyping Array. L'architecture génétique du sexe a été étudiée par analyse d'association (GWAS) à l'aide de différents modèles prenant en compte l'effet de la température d'élevage. Les effets des QTLs et la proportion de variance expliquée ont été estimés à l'aide d'analyses GBLUP ou d'approches bayésienne de sélection de variable (BayesC π) qui permet de considérer qu'une proportion de SNPs (π) n'a pas d'effet sur le caractère étudié.

Quelle que soit la température, la fréquence d'animaux masculinisés (mâles + intersexués) est faible : 1,99% à 12°C et 0,87 à 18°C. Après contrôle qualité, 30 811 SNP et 1 139 individus sont conservés pour les analyses GWAS. L'héritabilité génomique du sexe est estimée à 0,51 ($\pm$ 0,05). Les analyses GBLUP détectent 5 QTL sur 4 chromosomes. Le QTL le plus significatif (1,92% de variance génomique expliquée) est situé sur le chromosome 1 (Omy 1). Ce même QTL est aussi le plus significatif avec un modèle BayesC π , et peut expliquer entre 1,81 et 6% de la variance génomique selon les paramètres choisis (π = 97 ou 99%, respectivement). Aucun des QTL identifiés n'est localisé sur Omy29.

Ces résultats confirment l'existence d'un contrôle génétique de la masculinisation chez les animaux XX et ouvrent la voie à l'identification de gènes impliqués, potentiellement exploitables dans des procédures alternatives au traitement hormonal pour la production de néomâles.

Ce projet NeoBio (n° R FEA470016FA1000008) a été financé par le FEAMP et FranceAgriMer.

Quillet, E., et al, 2002. Journal of Heredity 93:91-99.

Valdivia K., et al, 2014. PLoS ONE, 12, e113355.

Yano, A., et al, 2012. Current Biology 22(15):1423-1428.