

Variabilité génétique et évaluation génomique de la résistance à la nécrose nerveuse virale de populations sauvages de bar/loup (*Dicentrarchus labrax*) Genetic and genomic variation of resistance to viral nervous necrosis in wild populations of european seabass (*Dicentrarchus labrax*)



European seabass is one of the most economic species in aquaculture in Mediterranean areas. Viral nervous necrosis (VNN), a disease affecting at least 70 aquatic species, has become the most serious threat to seabass cultured industry. While numerous studies have been performed in order to control this disease, no simple and effective procedures are available. In this thesis, we question genetic variability and the potential of selective breeding as an opportunity to address thwart this threat. After a general introduction (first chapter) and a deep literature review of nodavirus in aquaculture (second chapter), we explore in the third chapter the genetic variability of resistance of different wild populations of European seabass, namely Northern Atlantic (NAT), Western Mediterranean (WEM), Northern-East Mediterranean (NEM) and Southern-East Mediterranean (SEM). To address this question, 2011 fish derived from a full-factorial mating scheme, where 9 WEM dams were crossed with 60 sires originated from NAT, WEM, NEM and SEM (15 sires per population), were reared in "common garden". At 202 days, 1472 were challenged by nodavirus intraperitoneal injection at a mean body weight of 15.8 g. The rest of fish were kept in a single tank in order to collect performance traits. Strikingly, after pedigree recovery, we reveal a very strong and significant differentiation in VNN resistance among sires' origin (ranging from 53 to 90%), offspring from East Mediterranean sires being the most resistant (83-90% of survival), offspring from WEM sires being intermediate (62% of survival) and offspring from NAT sires being the most sensitive (53% of survival only). A moderate liability heritability for VNN resistance (0.26 ± 0.11) was estimated and negative correlations between resistance and production traits were shown. In the fourth chapter, a search of Quantitative Trait Loci (QTL) linked to the resistance was performed using a medium linkage map as examined. Therefore, 1717 individuals belonging 397 full-sib families and their parents were genotyped for 2722 SNP markers spotted on a SNPChip. From 1274 significant loci, a 24 linkage groups medium-density linkage map was constructed, as well as sex-specific and Origin-specific linkage maps. From these results, we show a 1.25-fold sex-biased heterochiasmy in favor to female recombination rate. Finally, genome scans for QTLs were performed in different methods, and while no QTLs were identified for both "time to death" or survival, we discuss the effect of the experimental design used. In the fifth chapter, a two-step unweighted then weighted Genome-Wide Association Study (GWAS & wGWAS) was carried out based on linear mixed models using the same SNPs as for QTL mapping. The aim was to determine whether we can detect significant individual SNPs linked to resistance against VNN. After SNPs weight calculation, the wGWAS detected one significant SNP explaining 3.11% of the resistance belonging to LG9. Finally, the potential for genomics prediction for VNN resistance using the different genomic models was performed and extensively presented. However, no significant differences were observed between genomic-based estimated breeding values and pedigree-based estimated breeding values. In conclusion, this study depicts a large genetic variation for VNN resistance in wild seabass populations but with negative genetic correlations with production traits. These latter results are valuable to help to define strategies for genetic improvement of resistance against VNN of European seabass. Moreover, the first assumptions on the location of potential QTLs claim for a fine QTL mapping and an expectable add-value of the use of genomic information in potential marker-assisted selection to VNN resistance in European seabass.

Le bar est une espèce économique majeure de l'aquaculture méditerranéenne. La nécrose nerveuse virale (VNN), une maladie qui affecte au moins 70 espèces aquatiques, est devenue la menace la plus grave pour l'aquaculture de cette espèce. Bien que de nombreuses études aient été réalisées afin de contrôler cette maladie, aucune procédure simple et efficace n'est disponible. Dans cette thèse, nous évaluons la variabilité génétique de la résistance à cette pathologie et le potentiel d'amélioration génétique pour lutter contre cette menace. Après une introduction générale (premier chapitre) et une revue de la littérature sur la nodaviose en aquaculture (second chapitre), nous explorons dans le troisième chapitre la variabilité génétique de résistance de populations sauvages de bar, Atlantique Nord (NAT), Méditerranée ouest (WEM), Nord-Est Méditerranée (NEM) et Méditerranée Sud-Est (SEM). Pour ce faire, 2011 descendants d'un croisement factoriel complet, où 9 mères WEM ont été croisées avec 60 pères NAT, WEM, NEM et SEM (15 mâles par population), ont été élevés en "common garden". Après 202 jours, 1472 poissons ont été infectés par injection intrapéritonéale nodavirus à 15.8g de poids moyen. Le reste des poissons a été conservé pour collecter les paramètres de performance. Après la récupération du pedigree, nous révélons une forte variabilité de résistance en fonction de l'origine des pères (de 53 à 90%), les descendants de pères Est-Méditerranéens étant les plus résistants (83 à 90% de survie), les descendants WEM étant intermédiaires (62% de survie) et les descendants de père NAT étant les plus sensibles (53% seulement de la survie). Une héritabilité modérée mais significative pour la résistance ($0,26 \pm 0,11$) a été estimée et des corrélations négatives entre la résistance et les traits de production ont été montrées. Dans le quatrième chapitre une recherche de loci à effets fort (QTL) sur la résistance a été effectuée avec une carte de liaison moyenne-densité. Pour cela, 1717 individus appartenant à 397 familles de plein-frères et leurs parents ont été génotypés pour 2722 marqueurs SNP imprimés sur une puce SNPs. À partir de 1274 loci significatifs, une carte de liaison contenant 24 groupes de liaison, ainsi que des cartes sexe-spécifiques et origine-spécifiques ont été construites. Ces résultats révèlent une hétérochiasmie, avec un taux de recombinaison 1,25 fois plus fort chez les femelles par rapport aux mâles. La recherche de QTL a été effectuée à partir de différentes méthodes, mais bien qu'aucun QTL pour le « temps de survie » ou la survie, n'ait été identifié, nous discutons de l'effet du plan expérimental utilisé. Dans le quatrième chapitre, une

étude association génomique a été effectuée en deux étapes: non pondérée (GWAS) puis pondérée (wGWAS) à partir de modèles mixtes linéaires utilisant les mêmes SNP que pour la cartographie de QTL, l'objectif étant de détecter des SNPs liés à la résistance au VNN. Un SNP significatif expliquant 3.11% de la résistance appartenant à LG9 a pu être détecté. Le potentiel de prédiction de la génomique pour la résistance au VNN en utilisant différents modèles génomiques a enfin été évalué, mais aucune différence significative n'a été montrée entre les valeurs génétiques estimées à partir des données génomiques ou à partir du pedigree. En conclusion, cette étude montre forte variation génétique de la résistance au VNN des populations sauvages de bar avec des corrélations génétiques négatives avec les traits de production. Ces derniers résultats sont précieux pour aider à définir des stratégies d'amélioration génétique de la résistance au VNN du bar. Enfin, de premières hypothèses sur l'emplacement de QTL putatifs plaident pour une future cartographie fine pour localiser ces QTLs, une valeur ajoutée dans un schéma de sélection assistée par marqueurs pour améliorer la résistance au VNN du bar.

Auteurs du document : Doan, Quoc Khanh

Obtenir le document : Université de Montpellier

Mots clés : Génétique quantitative, Analyses génomiques, Pathologie, Résistance virale, Aquaculture, Quantitative genetics, Genomics, Pathology, Virus resistance, Aquaculture

Thème (issu du Text Mining) : AGRICULTURE

Date : 2017-11-28

Format : text/xml

Langue : InconnuInconnu

Droits d'utilisation : info:eu-repo/semantics/openAccess, restricted use

Télécharger les documents : <https://archimer.ifremer.fr/doc/00498/60971/64379.pdf>

<https://archimer.ifremer.fr/doc/00498/60971/>

Permalien : <https://www.documentation.eauetbiodiversite.fr/notice/variabilite-genetique-et-evaluation-genomique-de-la-resistance-a-la-necrose-nerveuse-virale-de-populo>

Evaluer cette notice:



Ce portail, créé et géré par l'Office International de l'Eau (OIEau), est géré avec l'appui de l'Office français de la biodiversité (OFB)

