



SODIM
Société de développement de l'industrie maricole inc.

*Sélection multifactorielle (croissance et
résistance aux maladies) et assainissement de
souches pures et de lignées domestiques
d'intérêt et mise en place d'un programme de
collaboration multi-entreprises en matière de
génétique du poisson d'élevage*

Rapport final

Dossier n° 710.170

Rapport commandité par la SODIM

Mai 2010

Sélection multifactorielle (croissance et résistance aux maladies) et assainissement de souches pures et de lignées domestiques d'intérêt et mise en place d'un programme de collaboration multi-entreprises en matière de génétique du poisson d'élevage.

Par

Luc Picard¹, Louis Bernatchez² et Guillaume Côté²

Pour le Centre de Transfert et de Sélection des Salmonidés (CTSS) Inc.

¹Centre de transfert et de sélection des salmonidés

²Département de Biologie, Université Laval

Mai 2010

Société de recherche et de développement en aquaculture continentale (SORDAC) Inc.

200 chemin Ste-Foy Québec (Québec) G1R 4X6

Table des matières

Liste des figures.....	3
Introduction.....	4
Méthodologie.....	6
Résultats et discussion.....	14
Conclusion.....	38
Références bibliographiques.....	41

Liste des figures

Figure 1. Poids moyen des familles Rupert 2007 au 16 juin 2008.....	15
Figure 2. Malformations et yeux anormalement petits.....	16
Figure 3. Absence de nageoire adipeuse.....	16
Figure 4. Malformations de la mandibule.....	16
Figure 5. Pesée des familles Rupert 2007 au 22 septembre 08.....	17
Figure 6. Pesée des familles Rupert 2007, novembre 2008	18
Figure 7. Pesées en entreprises des familles Rupert 2007 au printemps 2009.....	24
Figure 8. Résultat des calculs de corrélation de Spearman effectués sur les familles Rupert 2007 élevées aux piscicultures Fournier (F1), Proteau (P1) et au CTSS (C1).....	24
Figure 9. Poids moyen des familles Domestiques 2008 au 17 mars 2010.....	31
Figure 10. Pesée en entreprises au printemps 2010 des familles Domestiques 2008.....	32
Figure 11. Résultat des calculs de corrélation de Spearman effectués sur les familles Domestiques 2008 élevées aux piscicultures Fournier (F2), Roy (R2), Proteau (P2) et au CTSS (C2).....	33

Introduction

Le projet « Sélection multifactorielle (croissance et résistance aux maladies) et assainissement de souches pures et de lignées domestiques d'intérêt et mise en place d'un programme de collaboration multi-entreprises en matière de génétique du poisson d'élevage » a été mené par le Centre de transfert et de sélection des salmonidés (CTSS) conformément à la demande de projet déposée et acceptée par la SORDAC du volet 2 « Aide au transfert de technologie en aquaculture en eau douce » de son programme d'appui financier. Le projet comportait deux volets intitulés *i)* « CTSS – centre spécialisé en génétique » et *ii)* « CTSS – services à l'industrie ». Le rapport final relatif au volet 2 a été déjà été soumis et accepté par la SORDAC. Le présent rapport ne couvre donc que le volet 1.

Le volet 1 du projet comportait 6 objectifs soit : *i)* sélection (croissance, évitement de maturation sexuelle précoce) et maintien de stocks de géniteurs de la souche Rupert sur le site du CTSS; *ii)* sélection familiale (croissance et résistance aux maladies) chez des entreprises participantes et développement de sites de sécurité dans les entreprises piscicoles; *iii)* introduction au CTSS et caractérisation génétique des lignées domestiques actuellement maintenues en quarantaine, en 2007, à Grande-Rivière; *iv)* démarrage d'un programme de sélection génétique (croissance et résistance aux maladies) sur les lignées domestiques (CTSS – croissance ; entreprises participantes – croissance et résistance aux maladies); *v)* mise en place d'une unité de quarantaine sur le site du CTSS; et *vi)* mise en quarantaine de nouvelles souches ou lignées d'intérêt (omble de fontaine ou omble

chevalier) suivi d'un démarrage de processus soit de sélection, soit de site de sécurité pour ces nouvelles souches.

Ce rapport final fait le bilan des travaux entrepris et de l'atteinte des différents objectifs tout en rappelant que la demande spécifiait pour la plupart de ceux-ci que les travaux seraient amorcés dans le cadre du présent projet, mais devraient se poursuivre au-delà, des programmes de sélection étant des entreprises à long terme devant se poursuivre sur plus d'une génération.

À noter également que conformément aux règlements de la SORDAC en regard du volet II, nos données brutes ont été remises, séparément, à la SORDAC, sous forme de tableaux annexes. Afin de faciliter l'accès à ces données aux personnes intéressées, les annexes d'intérêt sont identifiées à la fin de chacune des sections pertinentes.

Méthodologie

1. Sélection (croissance) et maintien de stocks de géniteurs de la souche Rupert sur le site du CTSS – Octobre 2007 à mars 2010

Dans le cadre de ce volet, nous devons réaliser deux éléments :

1) nous servir des géniteurs (génération de 2004) disponibles au CTSS pour produire de nouvelles familles à l'automne 2007, lesquelles seraient suivies durant 20 mois pour faire une première sélection génétique et produire également un lot témoin (sans sélection);

2) utiliser des familles préalablement produites en 2006 afin, également, de débiter le programme de sélection (sélection et lot témoin).

1.1. Formation des familles 2007

Les géniteurs envisagés au préalable pour cette reproduction ont été perdus lors d'un bris de tuyau survenu à la mi-novembre. Nous avons donc utilisé d'autres géniteurs issus de croisements faits en 2003 et 2004. Les meilleurs croisements ont été définis a posteriori en tenant compte de la performance de croissance relative des géniteurs par rapport à leur famille d'origine et par rapport à l'ensemble du lot de 2003 pour lequel nous avons les données nécessaires. Sur 58 croisements effectués, 32 ont été conservés. Ces 32 croisements correspondent aux 32 familles suivies de façon individuelle.

En ce qui concerne les croisements faits au hasard pour la production de familles témoins, les mortalités au niveau des œufs ont été trop importantes et nous les avons éliminés.

Pour les familles 2007, les conditions d'élevage appliquées sont énumérées ci-dessous.

a) Incubation des œufs :

- auges de 180 litres séparées chacune en 8 sections de 38 x 17 cm
- débit de 10 à 15 litres min⁻¹
- oxygène dissous à 7 mg l⁻¹
- absence de lumière
- température de 6.3 à 9.9°C
- familles maintenues séparément

b) Première alimentation

- bassins de 120 litres
- débit de 10 litres min⁻¹
- oxygène dissous supérieur à 7 mg l⁻¹
- lumière constante
- température entre 10 et 12°C selon le stade de développement
- 1000 à 2000 alevins par famille
- alimentation continue sur 24 heures
- moulée Corey optimum

- familles maintenues séparément

c) Engraissement

- bassins de 120 litres jusqu'en septembre-octobre
- transfert en bassins de 4,5 m³ en septembre-octobre après marquage préalable
- débit entre 10 et 140 litres min⁻¹ selon la taille des bassins et la densité d'élevage
- oxygène dissous supérieur à 7 mg l⁻¹
- photopériode naturelle
- à partir de 2 g, 800 individus par famille ont été conservés (au hasard)
- entre 5 et 10 g, 100 individus par famille prélevés au hasard ont été conservés pour le CTSS
- alimentation continue durant les périodes de clarté
- moulée Corey, taille et ration ajustées en fonction des chartes du fabricant
- familles maintenues séparément jusqu'au marquage et transfert en bassins de 4,5 m³, période où les familles sont alors mélangées
- densité de 5 à 72 Kg m⁻³ selon la période considérée

d) Suivis de croissance et de maturité sexuelle

Des pesées familiales ont été effectuées une fois par semaine du début de la première alimentation jusqu'à la fin juin 2008, deux fois par mois de juillet 2008 à la fin septembre 2008, puis en novembre 2008 et avril 2009. À la fin juin 2008, les animaux ont été

marqués de façon individuelle (identification de la famille) à l'aide d'élastomères fluorescents de type Visible Implant Elastomere[®] (VIE) de Northwest Marine Technology. En juin 2008, septembre 2008, novembre 2008 et avril 2009, 20 animaux par famille ont été pesés et mesurés individuellement. En novembre 2009, chaque individu issu de la dernière étape de sélection a été pesé et mesuré. La présence ou absence de maturité sexuelle a été vérifiée en novembre 2008 et en novembre 2009.

e) Sélection

Une première sélection basée sur le poids a été faite le 26 novembre 2008. À ce moment-là, le nombre d'animaux par famille a été réduit de 100 à 35. En avril 2009, une deuxième sélection a été faite et le nombre d'animaux par famille a été réduit à 10. Comme en avril, on ne pouvait évaluer la maturité, en décembre 2009 (environ 22 mois) les individus sexuellement matures ont été éliminés.

f) Maintien d'un stock de géniteurs

Chaque individu issu de ce processus de sélection (F_1) a été identifié à l'aide d'une étiquette électronique et servira de géniteur pour les générations ultérieures.

1.2. Utilisation des familles 2006

Celles-ci n'ont pas été utilisées pour faire de la sélection et produire de nouveaux géniteurs pour les raisons explicitées dans la section « Résultats et Discussion ».

2. Sélection combinée (croissance et résistance aux maladies) chez des entreprises participantes et développement de sites de sécurité dans les entreprises piscicoles – mars 2008 à mars 2010

Un nombre d'environ 200 poissons par famille a été transféré chez 3 entreprises qui ont accepté de participer au projet (Pisciculture du Lac St-François [Proteau], Pisciculture Denis Fournier [Fournier] et Aquaculture Nordik [Nordik]. Le transport a été effectué par les pisciculteurs eux-mêmes. À la pisciculture Fournier, les poissons ont été maintenus à l'intérieur dans un bassin circulaire de 9 pieds alimenté par un débit d'environ 20 litres min^{-1} d'eau souterraine. À la pisciculture Proteau, les poissons ont été maintenus dans des bassins circulaires de 11,5 m^3 et dans un étang intérieur de 109 m^3 alimentés en eau souterraine. À la pisciculture Nordik, les poissons ont été maintenus en circuit fermé. Lors des différents échantillonnages, les prises de données ont été effectuées par une équipe de trois ou quatre personnes, soit un représentant du CTSS, un représentant du MAPAQ et un ou deux représentants de l'entreprise. L'échantillonnage était réalisé en une journée.

3, Introduction au CTSS et caractérisation génétique des lignées domestiques actuellement maintenues en quarantaine à Grande-Rivière – octobre 2007 à juin 2008

En décembre 2006, des œufs ont été obtenus des Pisciculture S.N. Inc. de Chartierville et Jacques Roy de Weedon et transférés, dans un premier temps, au Centre de formation professionnel l'Envol de Carleton afin de vérifier leur état de santé. Ils ont été incubés à 10°C. Le lot Vézina a été mis en combi-tank et le lot Roy en auge d'un volume de 180 litres dans les deux cas. La température a été haussée à 12°C pour la première alimentation. Une première recherche de porteurs de maladies infectieuses a eu lieu le 18 mars (57 individus par lot) et aucun porteur n'a été détecté. Le 26 avril 2007, un inventaire complet des poissons a été effectué et ils ont été transférés dans des bassins suédois de 1,6 m³ jusqu'à la mi-juillet avant leur transfert dans les installations de quarantaine du Centre aquacole marin de Grande-Rivière. Pour des raisons d'espace, le nombre d'animaux devant être réduits, ils ont été classés et le 35% supérieur des cohortes ont été conservés, soit 956 individus du Lot Roy et 846 du lot Vézina. En novembre 2007, les poissons ont été transférés au CTSS et mis en isolation dans un espace séparé par des toiles. À la fin du mois, 56 poissons par souche ont été prélevés pour recherche de porteurs de maladies infectieuses. En mai 2008, 110 poissons ont de nouveau été sacrifiés pour une nouvelle recherche de maladies infectieuses.

En février 2008, les nageoires adipeuses de 50 poissons par souche ont été prélevées pour analyse de génotypes. Dix marqueurs microsatellites ont été utilisés pour comparer

l'ensemble des animaux. En septembre 2008, afin de compléter les connaissances familiales de ce lot, 270 géniteurs supplémentaires ont été génotypés.

4. Démarrage d'un programme de sélection génétique (croissance et résistance aux maladies) sur les lignées domestiques (CTSS – croissance ; entreprises participantes – croissance et résistance aux maladies) – octobre 2008 à mars 2010

4.1. CTSS – croissance (Familles Domestiques 2008)

Les familles ont été produites en utilisant le lot domestique introduit au CTSS et décrit à la section 3. À partir des 368 géniteurs potentiels, les 50 plus gros mâles et les 50 plus grosses femelles ont été sélectionnés. Puis pour éviter des croisements consanguins, les analyses de génotype ont été utilisées pour calculer le coefficient de parenté entre ces 100 animaux. Cette mesure représente la probabilité que les individus comparés deux-à-deux partagent un allèle par descendance directe de leur père ou de leur mère (sur une échelle de -1 à 1, où 0.5 est considéré comme une relation plein-frère). Trente deux familles ont été produites à partir de 32 de ces mâles et 32 de ces femelles. Un lot témoin a été produit en mélangeant les produits gamétiques de 10 mâles et 10 femelles choisis au hasard parmi les 386 animaux excluant ceux ayant servi pour faire les familles sélectionnées. Les œufs des 10 femelles ont été mélangés et séparés en 10 lots, chacun étant fécondé par un mâle différent.

L'élevage des différents stades de développement a été effectué selon le protocole décrit en 1.1. Des pesées familiales ont été effectuées une fois par semaine du début de la

première alimentation jusqu'à la fin juin 2009, deux fois par mois en juillet et août 2009, puis en décembre 2009 et mars 2010. À la fin de juin 2009, les animaux ont été marqués de façon individuelle (identification de la famille) à l'aide d'élastomères. La présence ou absence de maturité sexuelle a été vérifiée en décembre 2009.

Lors de la sélection du 8 au 16 septembre les 35 poissons les plus gros sur les 100 conservés au CTSS ont été sélectionnés.

4.2 Entreprises participantes – croissance et résistance aux maladies (Familles Domestiques 2008)

Pour les familles domestiques, la pisciculture Roy a remplacé Aquaculture Nordik. À la pisciculture Roy, les poissons ont été élevés à l'intérieur d'une serre, dans un bassin circulaire d'environ 112 m³, alimenté par un apport mixte d'eau de source et en provenance d'un lac. Une première pesée a été effectuée dans les entreprises à l'automne 2009 et une deuxième en mars 2010.

Résultats et Discussion

De façon à faciliter la lecture et le suivi de chacune des sections du projet, sections qui ne sont pas toujours inter-reliées entre elles, les résultats de chacun des sous-objectifs sont présentés séparément et discutés au fur et à mesure.

1. Sélection (croissance) et maintien de stocks de géniteurs de la souche Rupert sur le site du CTSS – Octobre 2007 à mars 2010

1. 1 Résultats

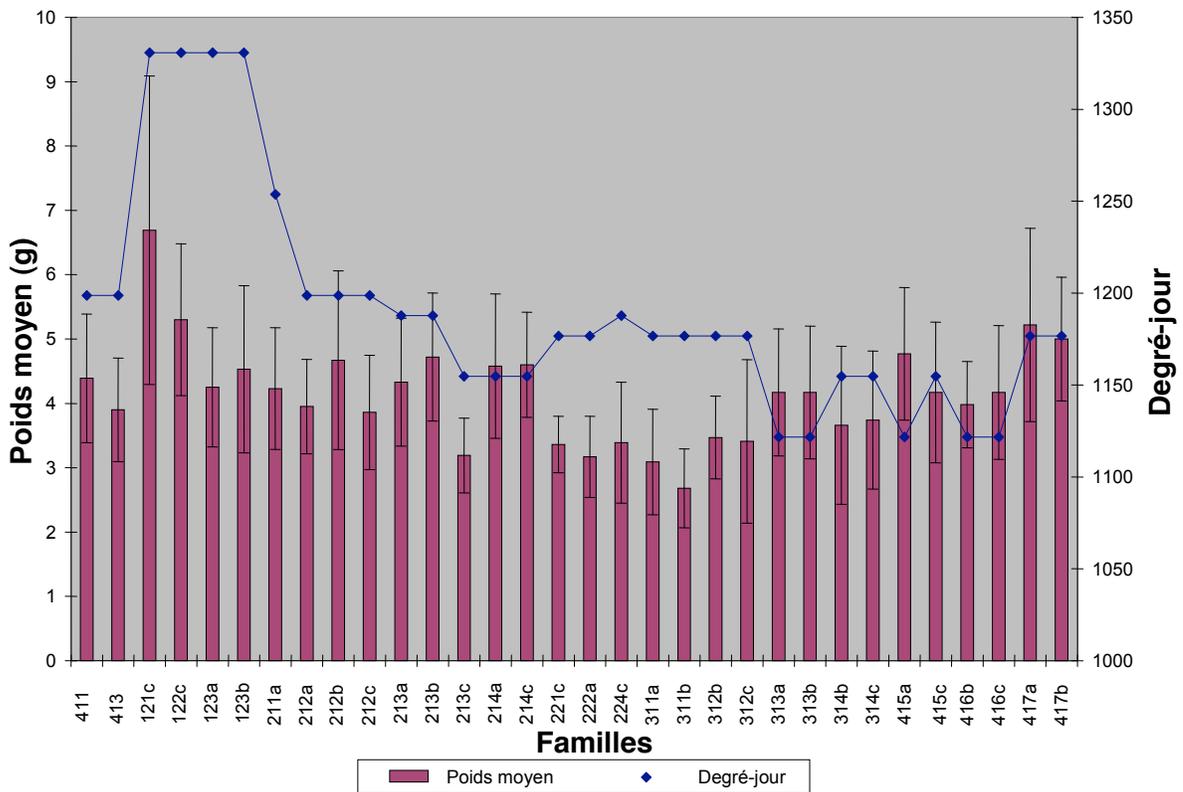
Familles Rupert 2007

Tel qu'indiqué dans la section Matériel et Méthodes, 32 familles issues de géniteurs sélectionnés à partir de notre population « d'origine » (F_0) ont été suivies au cours du projet. Ces familles constituent la première génération de sélection (F_1) dans le cadre du projet réalisé au CTSS.

Selon la famille, le pourcentage de poissons difformes éliminés juste avant la première alimentation a varié entre 0 et 22.9%, pour une moyenne globale de 1,7% pour les familles provenant des géniteurs 2003 et de 8.8 % pour les familles issues des géniteurs 2004.

Comme on peut le voir dans la section Matériel et Méthodes un suivi de croissance régulier a été fait pour chacune des familles. La Figure 1 montre les données de croissance en juin 2008. À ce stade, les animaux n'étaient pas encore marqués et donc chaque famille avait jusqu'au moment des mesures été élevée dans un bassin séparé, soit sans interactions inter-familiales. La plupart des familles sont demi-frères ou demi-sœurs (partageant un même père ou une même mère).

Figure 1. Poids moyen des familles Rupert 2007 au 16 juin 2008



Déjà à ce stade, on peut voir des différences de performance inter-familiales, la famille la plus petite (311b) affichant un poids moyen de $(2,68 \pm 0,61 \text{ g})$ et la famille la plus performante en termes de croissance (famille 121c) affichant un poids moyen de $(6,69 \pm 2,40 \text{ g})$.

Chez les poissons de la famille 123b, nous avons noté que près de 25% des poissons avaient des yeux anormalement petits (Figure 2). De même entre 10 et 20% des individus des familles 123a, 123b, 311a, 311b, 313a et 313b n'avaient pas de nageoires adipeuses (Figure 3). Finalement, certains individus des familles 411 et 413 présentaient une malformation au niveau de la mandibule (Figure 4).



Figure 2. Malformations et yeux anormalement petits



Figure 3. Absence de nageoire adipeuse

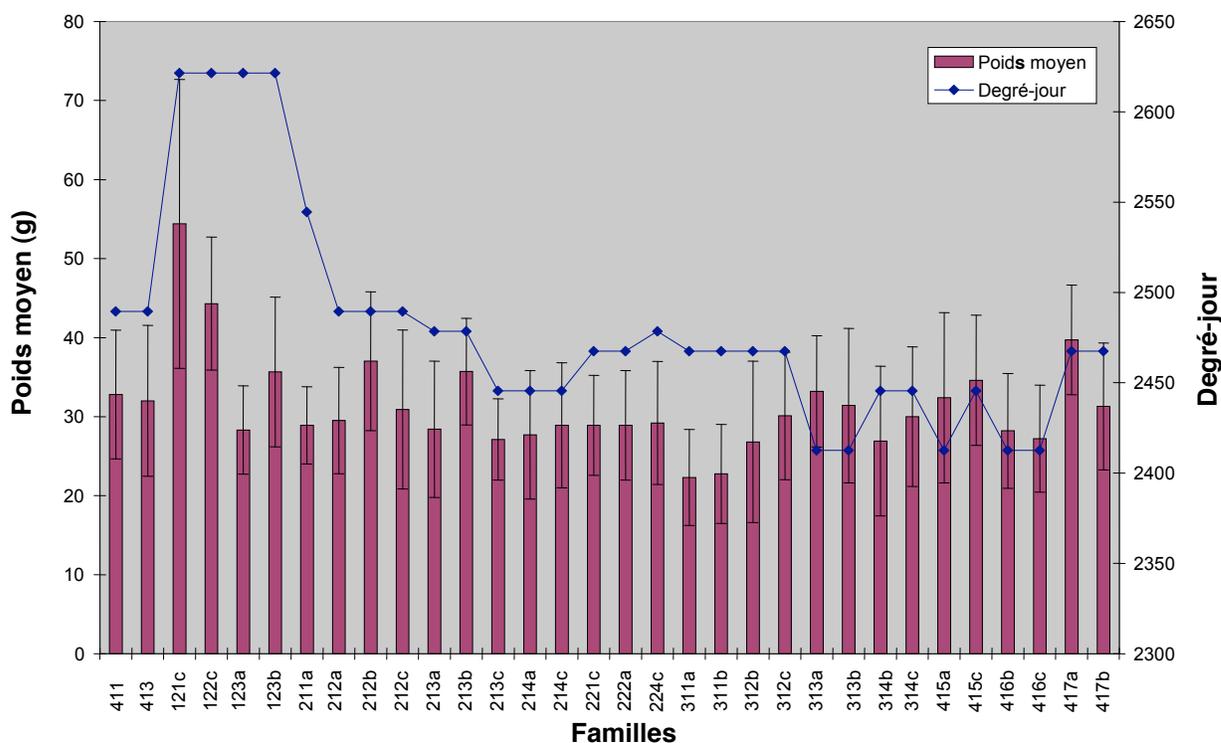
Après vérification, les familles qui présentent cette malformation de la mandibule sont issues d'un même père et de deux femelles différentes (familles demi-frères).



Figure 4. Malformations de la mandibule

La figure 5 présente les résultats de croissance en septembre 2008 au moment du passage des familles dans les bassins de 4.5 m³. Les différences inter-familiales suivent les mêmes tendances qu'en juin.

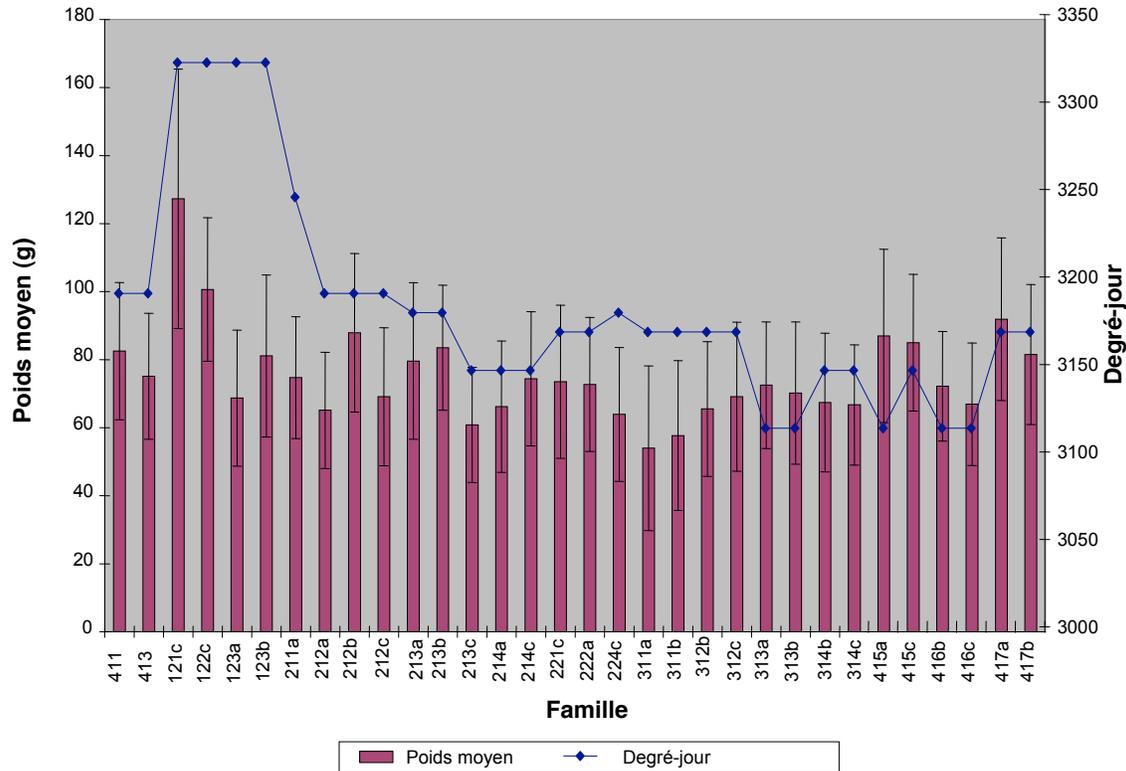
Figure 5. Pesée des familles Rupert 2007 au 22 septembre 08



En novembre, il y a eu une première pré-sélection, d’abord et avant tout motivée par le besoin de faire de l’espace pour permettre la croissance. Au cours de la pré-sélection (novembre 2008), les quelques individus sexuellement matures à 0+ ont été éliminés (seulement deux mâles issus des familles 313a et 212b), puis nous avons sélectionné les plus gros animaux parmi les immatures (sélection combinée pour deux traits de performance : absence de maturité sexuelle précoce et croissance). La figure 6 présente les données avant sélection. Suite à la sélection, le poids moyen des poissons conservés

était de $94,5 \pm 15,9$ g et le poids moyen des poissons non retenus était de $64,5 \pm 14,5$ g.

Figure 6. Pesée des familles Rupert 2007, novembre 2008



Une autre sélection a été faite le 30 avril 2009 et les 10 poissons les plus gros de chaque famille ont été conservés pour produire la prochaine génération. Pour véritablement faire une sélection combinée, il aurait mieux valu attendre décembre 2009 pour 1) éliminer les animaux matures à 1+ et 2) sélectionner les animaux les plus gros parmi les immatures. Le manque d'espace a fait en sorte qu'une simple sélection pour la croissance a été faite en avril 2009. Cependant, en novembre 2009, nous avons vérifié le statut de maturité sexuelle chez ces 320 animaux (10 par famille, 32 familles) et tous les animaux matures ont été éliminés. Cela nous a permis d'obtenir un pourcentage de maturité sexuelle par famille qui reste imparfait puisque obtenu à partir d'un sous-échantillon

restreint et issu d'un processus de sélection pour la croissance, mais qui indique tout de même une grande variabilité inter-familiale. On peut ainsi dire que de façon qualitative, on a observé des pourcentages de maturité sexuelle variant entre 0 et 100%. Une famille a ainsi complètement été éliminée du stock de futurs géniteurs (212c – 10 poissons conservés en avril 2009 étant à 100% sexuellement matures à l'automne 2009) alors que nous n'avons conservé les 10 animaux sélectionnés en avril que pour les familles 214c, 311a et 415a (0% d'animaux sexuellement matures à 22 mois). Au total, 180 géniteurs ont été conservés.

Familles Rupert 2006

Les familles 2006, produites avant le début de ce projet n'ont pas été utilisées dans le cadre du projet et donc aucune donnée les concernant n'est présentée.

1.2 Discussion

Cinq points méritent discussion à ce stade-ci pour ce sous-objectif : l'efficacité de sélection, les différences inter-familiales, la présence de malformations, l'absence de lot témoin, la non utilisation des familles Rupert 2006 et la possibilité de faire dans le futur une sélection combinée pour croissance et absence de maturité sexuelle précoce.

Dans le cadre du projet terminé en mars 2010, nous n'étions qu'à la formation d'une première génération de sélection. Actuellement, nous ne pouvons pas mesurer l'efficacité

de la sélection chez les F_1 , puisque nous n'avons pas de mesures de croissance pour la F_0 . Nous ne pourrions donc mesurer celle-ci que lorsqu'une deuxième génération sera disponible et l'efficacité de sélection sera mesurée selon Falconer et Mackay (1996).

Pour le moment, nous n'avons pas comparé les performances individuelles de chacune des familles. En effet, à la fin du printemps 2010, nous avons plutôt décidé de faire de la sélection basée sur les performances intra-familiales (choisir les animaux les plus performants au sein de chaque famille en conservant le plus de diversité génétique possible) et les 10 plus gros animaux de chaque famille ont été sélectionnés. Une autre alternative aurait été de faire de la sélection combinée qui tienne compte à la fois de la performance de la famille et de la performance individuelle (moins d'individus sélectionnés dans les familles les moins performantes et plus d'individus sélectionnés au sein des familles les plus performantes) (voir Savaria 1998 et Bastien 2010). Cette façon de faire est plus efficace pour la sélection d'un trait donné, mais entraîne inévitablement une perte de diversité génétique quoique moindre que lorsque l'on fait de la sélection de masse (sélection des individus les plus performants au sein de l'ensemble du groupe sans égard à la famille). Par ailleurs, l'élimination des animaux sexuellement matures à 22 mois entraîne définitivement une sélection qui tient compte des traits de performance familiaux pour cette caractéristique.

La formation de familles demi-frères effectuée pour la Rupert, pourrait également permettre d'aller chercher les effets maternel et paternel sur les différentes performances familiales. Le CTSS s'est adjoint depuis le printemps 2009 un chercheur en génétique

quantitative au sein de son conseil d'administration. Nous examinerons prochainement la possibilité et l'intérêt de réaliser une telle analyse.

Le plus fort pourcentage moyen du nombre d'alevins difformes éliminés avant la première alimentation chez les familles issues de géniteurs 2004 pourrait très bien être dû au hasard comme il pourrait être de nature génétique, ce qu'il n'est pas possible d'établir avec une seule année de mesures. Toutefois, cette observation nous incite à une certaine prudence lors de la réalisation des accouplements pour la F₂ qui seront réalisés à l'automne 2010. Il a donc été décidé de déterminer le degré d'apparentement génétique par le biais du génotypage des géniteurs qui seront utilisés pour produire les prochaines générations, compte tenu que pour plusieurs familles 2007, le pedigree des parents n'est pas connu (voir section Méthodologie) afin de faire un suivi adéquat dans le futur.

Tel qu'indiqué en page 7, nous avons dû éliminer le lot témoin à cause de trop fortes mortalités lors de l'incubation. Un lot témoin n'est cependant pas une nécessité absolue; preuve, la grande majorité des études faites en génétique chez les poissons se font sans témoins. Par contre, la présence d'un lot témoin permet de valider les résultats de la sélection et de les dissocier de résultats d'une sélection non dirigée résultant d'une meilleure performance des poissons les mieux adaptés aux conditions d'élevage. Ainsi, d'une génération à l'autre, il ne devrait pas y avoir d'améliorations au niveau du lot témoin. Les travaux effectués sur la souche Laval illustrent bien l'avantage d'avoir ce genre de témoin (Bastien 2010; Bastien et al. sous presse). Puisqu'une première génération a déjà été faite, serait-il judicieux d'ajouter un lot témoin à la F₂ et si oui, avec

quels géniteurs devrait-il être produit? Des discussions auront lieu à cet effet à l'automne 2010 avec le Dr Dany Garant afin de vérifier quelle serait la meilleure option à poursuivre.

Autant l'héritabilité pour la croissance a souvent été mise en valeur, autant l'héritabilité pour l'absence de maturité sexuelle précoce a été longtemps mise en doute chez les salmonidés. Chez la souche Laval, les travaux réalisés à l'ISMER ont cependant montré que celle-ci était relativement élevée chez cette souche et que la sélection pour ce trait était tout à fait réalisable (Bastien 2010; Bastien et al. sous-presse). Pour la souche Rupert, Morin (2006) rapporte des pourcentages de maturité précoce autour de 55 à 57%. Bien que non partie prenante du projet et fragmentaires tel qu'indiqué dans la section Résultats, les données obtenues sur la F₁ indiquent que ce caractère peut être très variable entre familles élevées dans les mêmes conditions environnementales. Il pourrait donc être intéressant de poursuivre nos efforts en ce sens et cela fera partie des discussions qui auront lieu à l'automne 2010 avant d'entreprendre la formation d'une F₂.

Tel qu'indiqué précédemment, les familles Rupert 2006 n'ont pas été utilisées dans le cadre du présent projet. Deux raisons principales sous-tendent cette décision. La première tient au marquage. En effet, une partie des individus ne pouvaient être identifiés à la famille, les marques n'ayant pas tenu. Les poissons de cette génération ont donc été génotypés afin de pouvoir ultérieurement les inclure dans nos plans de reproduction. La deuxième raison est liée à la croissance. En effet, les conditions d'élevage pour les familles 2006 ont été plus que difficiles, manque de nourriture, température d'élevage des

premiers stades non-optimale, étant donné qu'elles ont été produites au moment où le CTSS essayait de se restructurer. Nous avons tout de même utilisé ces animaux pour parfaire nos techniques de marquage.

2. Sélection combinée (croissance et résistance aux maladies) chez des entreprises participantes et développement de sites de sécurité dans les entreprises piscicoles – mars 2008 à mars 2010

2.1 Résultats

Les Rupert 2007 ont été placés dans 3 entreprises, Pisciculture du Lac St-François (Proteau) Pisciculture Denis Fournier (Fournier) et Aquaculture Nordik (Nordik). Deux échantillonnages ont été effectués dans chacune des entreprises en juillet 2008. La Figure 7 illustre les données obtenues au printemps 2009 dans les entreprises après environ 9 mois d'élevage. On peut voir que pour chacune des familles qu'il semble y avoir des différences importantes de performance en fonction du lieu d'élevage.

Pour comparer la croissance des différentes familles dans les différentes entreprises, nous avons d'abord classé les différentes familles par ordre de croissance (ex. la famille ayant atteint le poids plus élevé a obtenu le rang no 1). Nous avons ensuite réalisé une corrélation de Spearman (Figure 8) pour les familles élevées à la pisciculture Fournier (F1), à la pisciculture Proteau (P1) et au CTSS (C1).

Figure 7. Pesées en entreprises des familles Rupert 2007 au printemps 2009

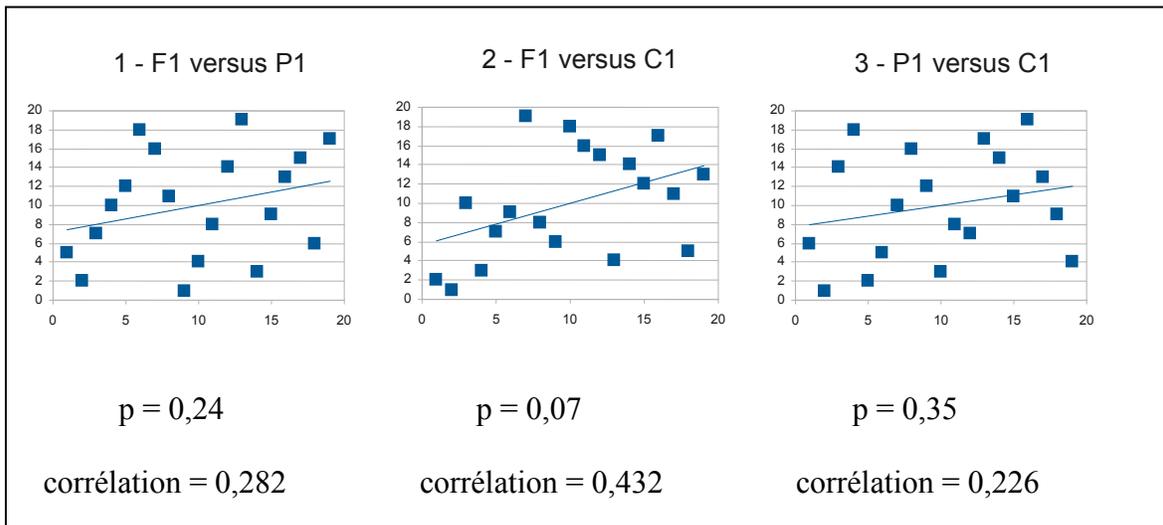
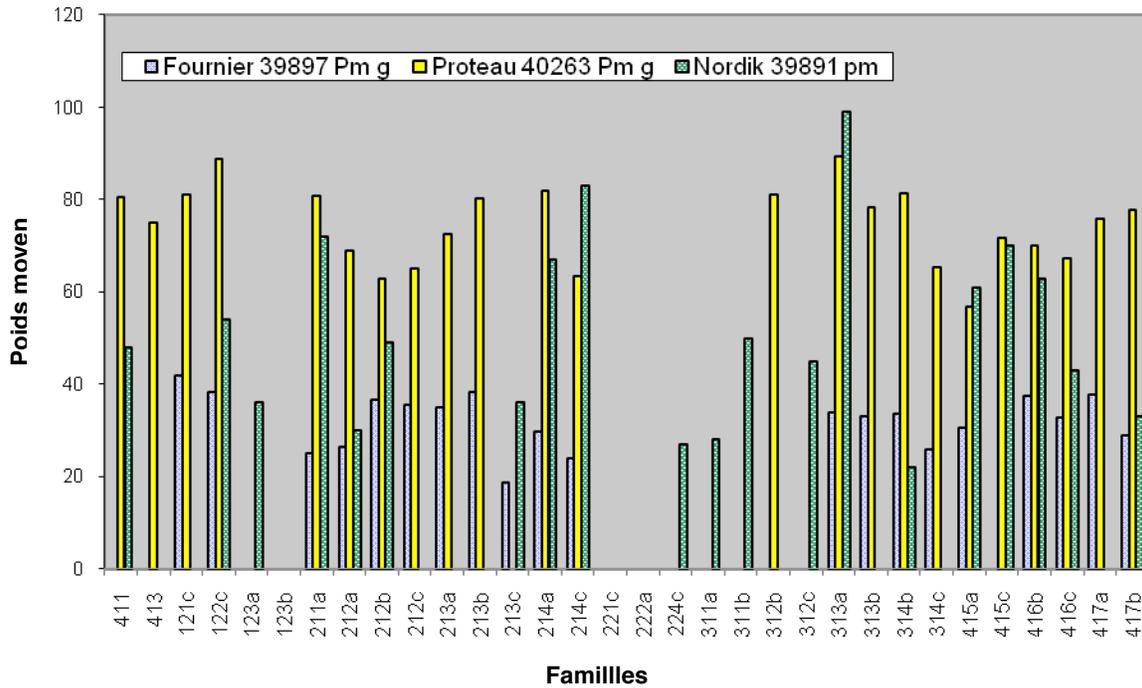


Figure 8. Résultat des calculs de corrélation de Spearman effectués sur les familles Rupert 2007 élevées aux piscicultures Fournier (F1), Proteau (P1) et au CTSS (C1)

Les données d'Aquaculture Nordik n'ont pas été considérées étant donné que plusieurs familles présentes transférées dans cette entreprise ne se retrouvent pas dans les deux autres entreprises et vice et versa.

La corrélation de Spearman permet donc de vérifier si les différentes familles ont performé de façon similaire dans les différents milieux. Une valeur significative ($p < 0.05$) indique une corrélation significative entre les rangs des différentes familles d'un environnement à l'autre. La valeur appelée « corrélation » est le rho de Spearman, une mesure de la force de la corrélation qui varie de zéro (aucune corrélation) à 1 (corrélation parfaite).

Pour les comparaisons Fournier-Proteau et Proteau-CTSS, les valeurs ne sont pas significatives ce qui signifie que le classement des familles (de la plus performante à la moins performante) est différent entre ces environnements. De même, la comparaison Fournier-CTSS n'est pas significative ($p > 0.05$), même si la probabilité obtenue est beaucoup plus faible.

Aucune maladie bactérienne n'a été détectée dans les entreprises et seulement de faibles pourcentages de mortalité ont été observés aux piscicultures Fournier (1,8 %) et Proteau (1,6 %). Chez Aquaculture Nordik (10,7 %), les poissons ont été affectés d'un problème de saprolégniose récurrent probablement relié à un stress de nature physique. Un échantillon a été envoyé pour analyses en laboratoire, rien de particulier n'a été noté.

2.2 Discussion

Plusieurs facteurs de gestion d'élevage et d'environnement peuvent entraîner des différences de croissance d'une entreprise à une autre. Des facteurs génétiques peuvent également faire en sorte qu'une souche sera plus performante sur un site que sur un autre. On parle alors d'interactions gène-environnement.

Ce qui nous importait dans cette section du projet n'était non pas de comparer les entreprises entre elles, mais plutôt de vérifier si les familles les plus performantes demeuraient les plus performantes quelque soit l'environnement d'élevage ou si les variations gène-environnement pouvaient faire en sorte qu'il serait difficile de prédire si les résultats de la sélection effectuée au CTSS s'exprimeraient de façon différente selon l'endroit où les poissons étaient transférés.

L'absence de corrélations significatives entre sites d'élevage nous indique que certaines familles peuvent exprimer leur potentiel plus positivement dans certains environnements d'élevage et le sous-exprimer dans d'autres. Ce n'est pas surprenant et l'autre portion de notre projet réalisée avec le CDPQ indiquait combien la multiplication de sites d'engraissement et de suivi de croissance était importante pour une amélioration globale de la production via un programme de sélection. Cette partie du projet indique donc qu'il est non seulement important de continuer à faire le suivi sur plusieurs sites, mais aussi, dans le futur, d'essayer de comprendre la nature de ces interactions gène-environnement afin de les utiliser de manière optimale. Ces résultats sont corroborés par ceux d'Amélie

Crespel qui a comparé des familles Rupert dans deux environnements différents, mais sous des conditions similaires en termes de protocole d'élevage (Crespel et al. en prép.). Une réflexion s'impose donc sur la meilleure approche et les protocoles à suivre pour l'amélioration globale de cette souche.

Un autre objectif était de développer des sites de sécurité. Malheureusement, aucune des entreprises ayant participé à l'étude n'a conservé de poissons de la souche Rupert afin de les utiliser ultérieurement comme géniteurs. Pour les suivis futurs en entreprise, il faudrait sans doute demander à ce que ceux-ci se poursuivent assez longtemps pour faire de la sélection directement sur ces sites. Le CTSS pourrait par la suite soit intégrer ces géniteurs dans son programme d'accouplement en les utilisant sur place, soit récupérer les géniteurs pour les conserver au CTSS, mais tout cela demande une certaine réflexion relativement au contrôle sanitaire.

Un de nos objectifs était également de vérifier la résistance aux maladies bactériennes des différentes familles transférées en entreprises. L'absence d'éclosion de maladies ne nous permet pas de faire cette vérification. De plus, compte-tenu des faibles nombres rapportés, de la variabilité inter-sites et de la multiplicité possible des causes, on ne peut interpréter les résultats obtenus pour les mortalités en entreprises. Cependant, malgré les faibles pourcentages globaux rapportés par les entreprises participantes, l'examen des données brutes indique que les familles 411, 214c, 224c, 311a, 415a et 417b ont présenté des pourcentages de mortalité pouvant aller à plus de 20 % alors que les familles 122c, 211a, 212b, 212c-213a, 213b, 312b, 314b et 415c ont eu des pourcentages de mortalités

inférieurs à 5%. Mentionnons cependant que les familles 214c et 415a semblent plus sensibles, les pourcentages de mortalité pour ces familles ayant été plus élevés que la moyenne des autres familles et ce dans toutes les entreprises. On peut donc penser qu'à tout le moins, pour des infections opportunistes ou sensibilité au stress, il existe des différences interfamiliales. Pour le moment, toute autre spéculation demeure hasardeuse.

3. Introduction au CTSS et caractérisation génétique des lignées domestiques actuellement maintenues en quarantaine à Grande-Rivière – octobre 2007 à juin 2008

3.1 Résultats

Un premier essai d'introduction à Grande-Rivière avait été réalisé en décembre 2005. Les poissons provenaient de 3 entreprises, soit la pisciculture de Pierre Vézina de Chartierville, la pisciculture Jacques Roy de Weedon et la pisciculture de Denis Ouellet de La Tuque. Les œufs avaient été prélevés par M. Richard Morin du MAPAQ avec recommandation d'obtenir des œufs produits par le maximum de géniteurs possible. Les œufs ont été apportés au Centre de formation professionnelle de Carleton. L'identification de porteurs de la nécrose pancréatique infectieuse (NPI) en avril 2006 a cependant forcé la destruction d'une partie des animaux en juin 2006, puis de l'ensemble des animaux en novembre 2006. Les poissons n'ont donc jamais été amenés sur le site de Grande-Rivière.

Une nouvelle tentative d'introduire des poissons domestiques sains dans le programme d'amélioration génétique a été réalisée en décembre 2006. Les poissons provenaient de 2 entreprises ou la nécrose pancréatique infectieuse (NPI) n'avait pas été détectée au premier échantillonnage, soit la Pisciculture S.N. Inc. de Chartierville (anciennement Pierre Vézina) et la pisciculture Jacques Roy de Weedon. Les recherches de porteurs de maladie infectieuse réalisées en mars et novembre 2007 et mai 2008 se sont avérées négatives.

Les analyses génétiques effectuées au laboratoire de Louis Bernatchez sur la base de 10 marqueurs microsatellites n'ont révélé aucune différenciation génétique ($F_{st} = 0$, $p > 0,05$) et indiquent que les poissons des 2 lots sont génétiquement homogènes et doivent être considérés comme un seul lot. Conséquemment, 200 poissons par lot ont été conservés pour la réalisation de l'objectif relatif à la mise sur pied d'un programme de sélection génétique sur des poissons domestiques. Une caractérisation génétique plus approfondie a permis de déterminer que ce lot est composé de 87 familles et contient entre 1 et 15 poissons de chacune de ces familles. Ce groupe de géniteurs offre donc un très bon potentiel pour réaliser des croisements non consanguins et maintenir une bonne diversité génétique au sein de la progéniture.

4. Démarrage d'un programme de sélection génétique (croissance et résistance aux maladies) sur les lignées domestiques (CTSS – croissance ; entreprises participantes – croissance et résistance aux maladies) – octobre 2008 à mars 2010

4.1 Résultats

CTSS – croissance (Familles Domestiques 2008)

À partir des données de génotypage, nous avons planifié les 32 croisements en fonction du degré de similarité génétique (le plus faible possible) et du poids des géniteurs (le plus élevé possible pour chaque couple formé). Dans le cas de la souche domestique, tous les croisements effectués sont des croisements plein frères.

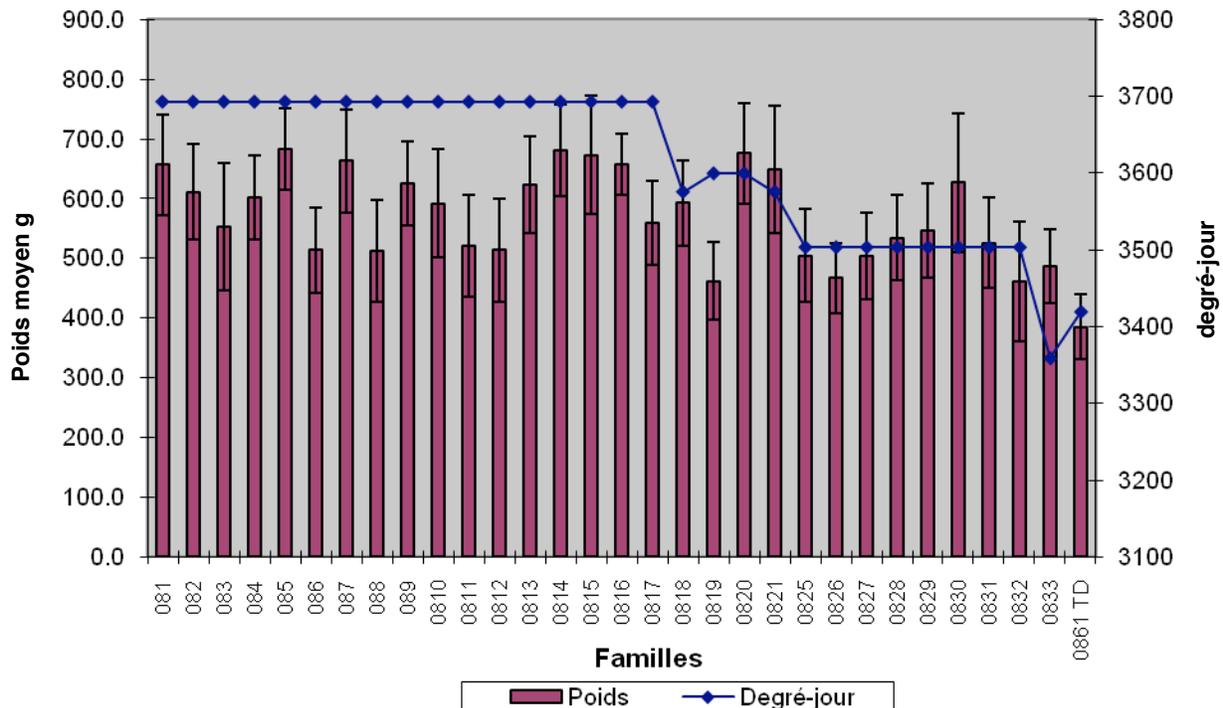
Le pourcentage de survie des œufs du début de l'incubation jusqu'à la fin de la résorption du sac vitellin a été de 48 % pour les familles sélectionnées et de 46% pour le lot témoin et de grandes variations de survie ont été notées entre les différentes familles (intervalle allant de 6% à 90%). Le pourcentage de poissons difformes éliminés juste avant la première alimentation était très faible et variait entre 0 et 3.4 % avec une moyenne de 1% pour les familles sélectionnées et de 2% pour le lot témoin.

Chez les 0+, l'échantillonnage de décembre 2009 a montré de grands écarts d'atteinte de la maturité sexuelle avec des familles sans aucune incidence de maturité sexuelle (familles 085-0811-0829 et 0823) alors que d'autres présentaient jusqu'à 100% de mâles matures (famille 086). Au moment de cet échantillonnage, tous les mâles matures des

différentes familles utilisées pour la sélection ont été éliminés. Dans le lot témoin, le pourcentage de maturité sexuelle chez les 0+ était de 27.7%.

Pour la première année d'élevage, on note des différences intra et inter-familiales (Figure 9). Plusieurs familles ont atteint, après un an, des poids moyens avoisinant les 650 g alors que la famille la moins performante (0819) fait moins de 500g ($461,8 \pm 65,4$ g). La figure 9 montre également dans la colonne de droite, la croissance du lot témoin. À la même période, le poids moyen des animaux du lot témoin est de ($384,8 \pm 54,4$ g). Le travail de suivi jusqu'à 22 mois suit actuellement son cours au CTSS.

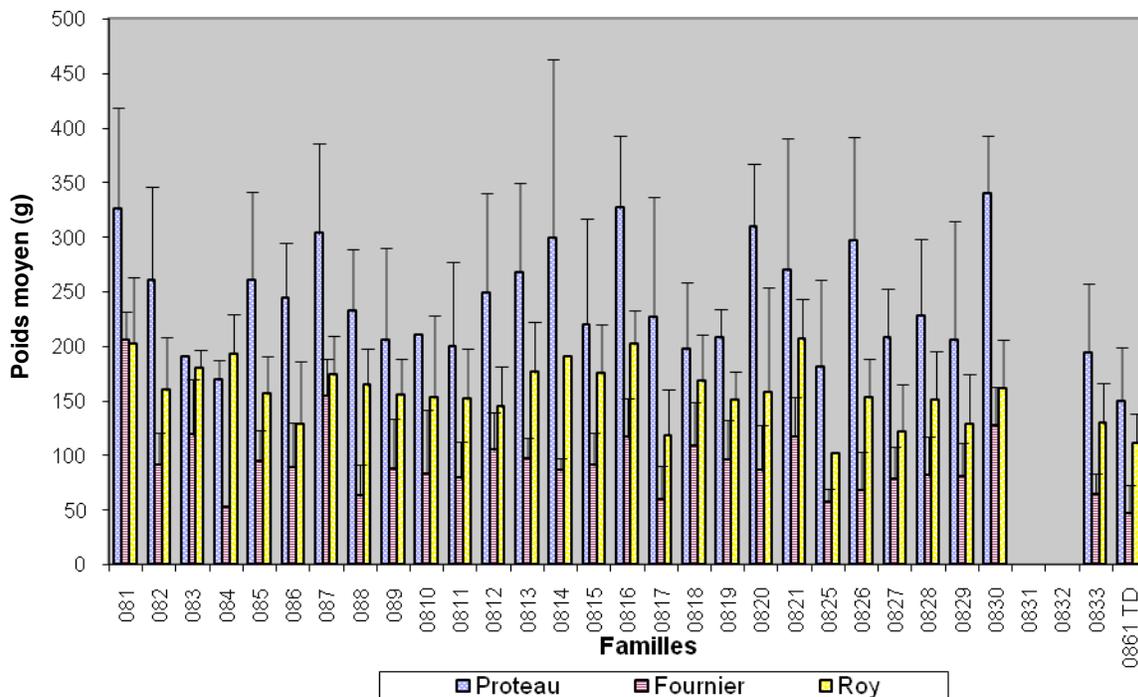
Figure 9. Poids moyen des familles Domestiques 2008 au 17 mars 2010



Entreprises participantes – croissance et résistance aux maladies (Familles Domestiques 2008)

Même si les suivis ne sont pas terminés, nous avons de façon préliminaire, classé les différentes familles élevées en entreprises, par ordre de croissance, la famille ayant atteint le poids plus élevé obtenant le rang 1. La figure 10 présente la croissance en entreprises au printemps 2010, soit à la fin du présent projet. Comme pour les familles Rupert, nous avons effectué des analyses de corrélation de Spearman (Figure 11) pour comparer le rang des familles présentes aux piscicultures Fournier (F2), Proteau (P2), Roy (R2) et au CTSS (C2). Contrairement à ce qui a été obtenu pour les familles Rupert, toutes les corrélations sont significatives.

Figure 10. Pesée en entreprises au printemps 2010 des familles Domestiques 2008



Dans le cas des familles Domestique 2008, les corrélations 2 à 2 étaient toutes significatives, ce qui indique que les croissances relatives (leur classement les unes par rapport aux autres) des différentes familles sont similaires aux quatre sites. Les mortalités dans les différentes entreprises ont été très faibles se situant à moins de 2 % et les différences inter-familiales négligeables.

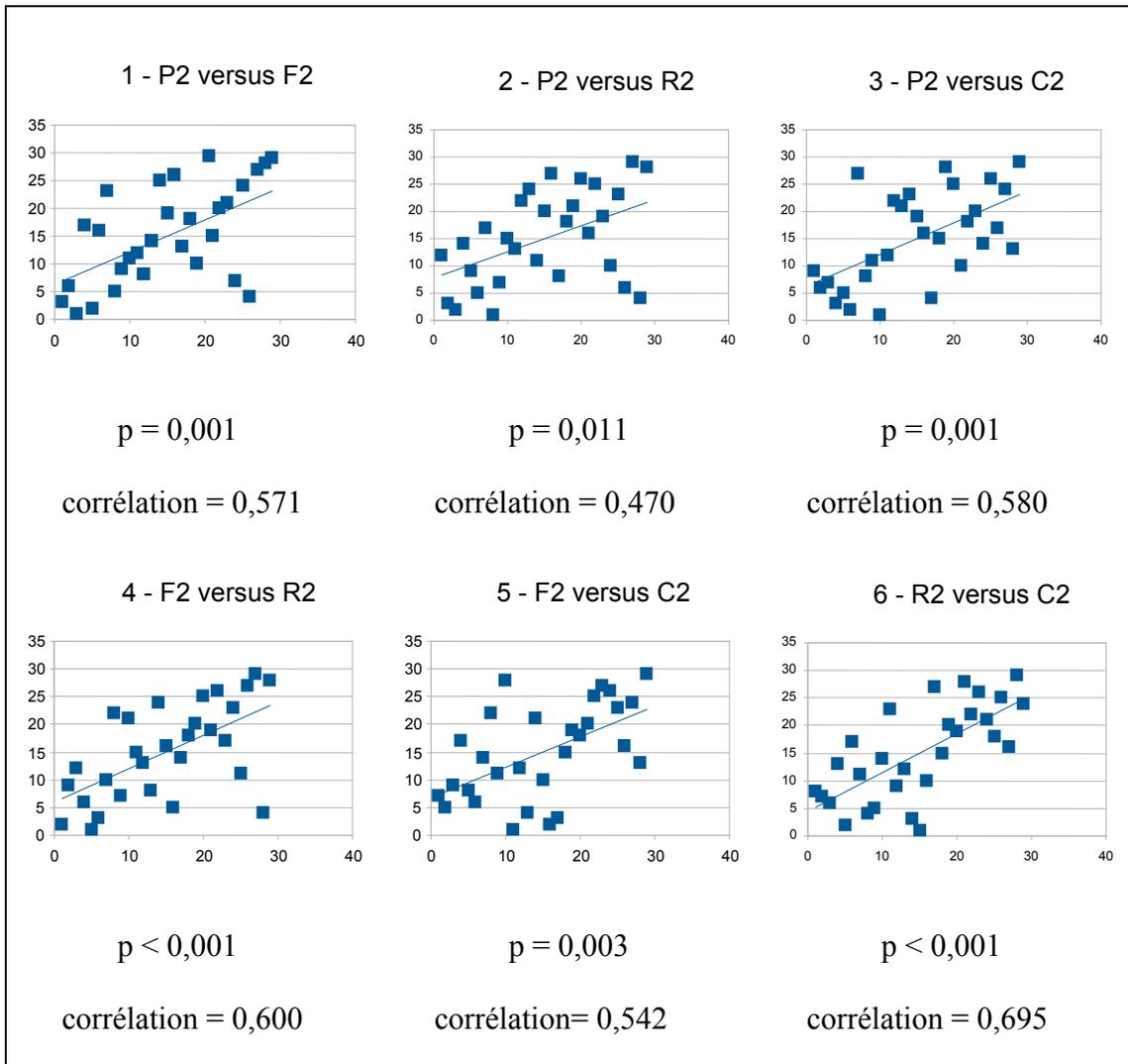


Figure 11. Résultat des calculs de corrélation de Spearman effectués sur les familles Domestiques 2008 élevées aux piscicultures Fournier (F2), Roy (R2), Proteau (P2) et au CTSS (C2)

Encore une fois, en l'absence d'occurrence de maladies infectieuses, la résistance aux maladies n'a pu être vérifiée. De plus, les dates d'échantillonnage ne correspondant pas à la période optimale pour identifier les mâles spermiantes.

4.2 Discussion

Cette portion du projet, tel que prévu à l'échéancier initial, a débuté à l'automne 2008 (frais et formation des familles) et à l'hiver 2009 (éclosion et début du suivi des familles). Au 31 mars 2009, nous n'en étions donc qu'à la moitié de la durée d'élevage prévue sur 22 mois et donc cette portion du travail se poursuit toujours.

Le choix des géniteurs pour le frais de l'automne 2009 s'est effectué de la même manière qu'en 2008. Des infections branchiales opportunistes récurrentes ont causé beaucoup de mortalités chez ces géniteurs et la grande variabilité dans la qualité des œufs et de la laitance a fait en sorte que plusieurs des accouplements prévus n'ont pu être réalisés. Le pourcentage de survie jusqu'à résorption du sac vitellin s'est avéré plus faible que la normale (49% comparativement à une moyenne de 60% rapportée par Morin 1996) avec d'énormes variations inter-familiales (de 19 à 95%), mais peu d'alevins difformes à l'éclosion ont dû être sacrifiés (moyenne de 2% avec une variation de 0 à 5 %). Le suivi de ces familles se poursuit en 2010.

La présence d'une variabilité interfamiliale indique que le potentiel d'amélioration de ce trait de performance est toujours présent et que la domestication n'a pas encore atteint

son plein potentiel. Il reste donc encore des gains à aller chercher avec la mise en place d'un programme de sélection génétique. Le grand intérêt d'avoir un témoin dans ce cas-ci est qu'on pourrait s'attendre à avoir une efficacité de sélection moindre chez une souche qui fait l'objet d'une sélection non dirigée depuis plusieurs générations. Ainsi, les lots témoins ne devraient pas montrer d'amélioration d'une génération à l'autre, ou encore une amélioration significativement moindre dans le cas d'un processus de sélection non dirigée pour les conditions locales. Il importe donc de maintenir la formation de celui-ci à chaque génération en utilisant toujours des croisements faits au hasard.

Les écarts de pourcentage de maturation sexuelle précoce observés entre les différentes familles, chez les 0+, devraient permettre d'améliorer ce trait lors des prochaines générations. Ainsi, chez la souche Laval, l'héritabilité de ce trait de performance a été démontrée et le pourcentage d'immatures à 22 mois est passé de 32.2% à 61.4% en trois générations (Bastien 2010; Bastien et al. sous-presse).

Il est également intéressant de noter que toutes les corrélations de Spearman réalisées sur les Domestiques (2008) sont significatives, ce qui signifie que quelque soit le site d'élevage les familles les plus performantes démontrent une forte tendance à être les mêmes et de même pour les familles les moins performantes. Encore une fois, ces résultats sont corroborés par ceux de Crespel et al. (en prép.) qui ont obtenu des résultats similaires avec 10 familles domestiques élevées en parallèle à l'Université Laval et à l'Université du Québec à Rimouski, ces familles étant complètement différentes de celles utilisées au CTSS. Ces auteurs concluent que la sélection artificielle subie par la souche

domestique au cours des générations aurait décru l'influence environnementale et réduit la plasticité phénotypique (la capacité à s'ajuster à différents environnements). Quoiqu'il en soit, ces résultats indiquent que des approches différentes devront sans doute être prises pour la poursuite des travaux avec la Rupert et les Domestiques. Pour les poissons domestiques, trois sites de sécurité étaient confirmés au printemps 2010.

5. Mise en place d'une unité de quarantaine sur le site du CTSS – avril 2008 à juin 2008

Suite à des discussions avec la Direction de l'innovation et des technologies du MAPAQ, il a été décidé de ne pas installer une nouvelle quarantaine sur le site du CTSS, mais plutôt de travailler de concert avec le MAPAQ à une maximisation des ressources régionales. Nous avons ainsi loué des espaces et participé financièrement au soutien technique nécessaire au fonctionnement de la quarantaine déjà présente au Centre aquacole marin de Grande-Rivière (CAMGR). Cette mesure a également le mérite d'éloigner les risques de contamination éventuels du stock principal maintenu au CTSS.

6. Mise en quarantaine de nouvelles souches ou lignées d'intérêt (omble de fontaine ou omble chevalier) suivi d'un redémarrage à l'étape 4 pour ces nouvelles souches – juin 2008 à mars 2010

Suite à différentes discussions, il a été décidé lors de l'Assemblée générale du CTSS de septembre 2009 d'introduire l'omble chevalier sur le site du CTSS et afin d'avoir le

maximum de diversité génétique, des animaux des souches Nauyuk et Fraser ont été obtenus.

Les œufs Nauyuk ont été obtenus de la Pisciculture Smith et proviennent du frai d'environ 60 femelles et 120 mâles. Ils ont été transportés à la quarantaine une fois rendu au stade oeillé. Les œufs Fraser proviennent d'un lot équivalent de poissons et ont été transportés le lendemain de la fécondation soit le 17 novembre.

Le CTSS dispose actuellement de 3500 alevins Nauyuk et 7400 alevins Fraser. Ces alevins sont élevés au Centre Aquacole Marin de Grande-Rivière (CAMGR) jusqu'à ce que l'on soit certain de leur statut sanitaire (absence de porteurs de maladie).

Conclusions

Les efforts investis au niveau de la souche Rupert et l'analyse génétique des géniteurs 2006 et 2007 ont permis d'évaluer que la diversité génétique actuellement présente au sein de la souche permet de faire de la sélection pour différents traits de performance tout en évitant la consanguinité. Certaines décisions restent à prendre concernant la formation ou non d'un lot témoin à l'automne 2010 et il serait fort intéressant de déterminer les effets déterminants maternel et paternel sur l'héritabilité des caractères de croissance. Ceci pourrait se faire en partenariat avec l'Université de Sherbrooke via le programme de partenariat, les ressources en génétique quantitative y étant présentes et le programme COOP de cette Université offrant une bonne opportunité de réaliser des stages d'une ou deux sessions.

Pour la souche Domestique, le projet a permis d'obtenir des géniteurs d'origine connue et exempts de maladie. Chez les familles sélectionnées, les données préliminaires (sur une seule année d'élevage) montrent que la variabilité inter-individuelle et inter-familiale nécessaire à la réalisation d'un programme de sélection y est toujours présente. De façon fort intéressante, les résultats en entreprise corroborent les travaux réalisés par une étudiante au doctorat (Crespel et al., en prép.) à l'effet que les interactions gène x environnement sont soit absentes, soit minimales pour la croissance chez cette souche, ce qui permet d'anticiper les résultats qui pourront être obtenus en entreprise directement à partir des données obtenues au CTSS sous réserve évidemment de qualité de soins et de protocoles d'élevage similaires. L'identification de chacun des individus et la connaissance de l'origine familiale de ceux-ci va permettre de poursuivre l'amélioration

génétique de ces derniers. L'obtention d'information génétique nous a également permis d'éviter les croisements consanguins et permettra de limiter l'évolution de la consanguinité dans le cheptel.

Bien que non prévu au projet, les travaux de quarantaine et de vérification de l'état de santé des lots domestiques ont fait en sorte que le CTSS a obtenu les certifications fédérales et provinciales de site exempt de maladie. Il s'agit vraiment d'une réalisation majeure qui permettra à tout pisciculteur québécois qui le désire d'améliorer son statut sanitaire. À noter que suite aux informations prises et confirmation par les autorités compétentes, les ombles chevaliers actuellement en quarantaine à Grande-Rivière pourront être transférés au CTSS dans bassins extérieurs alimentés par un puits indépendant et suffisamment éloignés des structures d'élevage actuellement en fonction au CTSS sans affecter le statut de site exempt de maladie. Les familles omble chevalier ne seront produites qu'à l'automne 2011 ou 2012, soit une fois que le statut sanitaire aura également été étendu à ce lot et que les poissons auront atteint la maturité sexuelle.

La portion du projet sur la souche Domestique a également permis à une entreprise participante de renouveler son stock de géniteurs dans le but de fournir à l'industrie des œufs et des poissons améliorés et exempts de maladie. Deux autres entreprises ont également acheté des poissons afin de se constituer un stock de géniteurs améliorés et exempts de maladie. Il s'agit d'une belle réalisation pour le CTSS en fonction de son mandat de soutien à l'industrie.

Au cours des années à venir les objectifs suivants devraient être poursuivis : 1) continuer la sélection sur la souche domestique afin de continuer à en améliorer la croissance tout en diminuant le pourcentage de maturité sexuelle précoce et ce en limitant au maximum l'augmentation de la consanguinité; 2) continuer la sélection sur la souche Rupert afin d'améliorer sa croissance tout en maintenant l'absence de maturité sexuelle précoce à un an et en prévenant la consanguinité; 3) adapter les techniques de congélation du sperme d'omble de fontaine afin d'assurer le maintien et le transfert des gains génétiques obtenus; 4) s'assurer qu'au moins une entreprise conserve des géniteurs de la souche Rupert afin d'en assurer la pérennité; 5) démarrer un programme d'amélioration génétique sur l'omble chevalier à partir des alevins actuellement conservés au CAMGR d'une façon qui permette au CTSS de conserver son statut de site exempt de maladie; 6) élargir la participation des membres du CTSS au projet d'amélioration génétique; 7) augmenter le nombre de petits bassins au CTSS, afin de permettre d'augmenter le nombre de familles pouvant être suivies en parallèle avant marquage.

Références bibliographiques

- Arsenault, E.J. et L.Bernatchez (2001) Gestion génétique de l'omble de fontaine, souche Rupert. SORDAC. Document de transfert de technologie no 2001.3 22 p.
- Audet, C. (2004). La souche Laval, le pourquoi et le comment. L'Aquicole, volume 10 numéro 1.
- Bastien, A., 2010. Évaluation d'un programme de sélection et identification des traits physiologiques liés à l'anadromie chez l'omble de fontaine (*Salvelinus fontinalis*). Thèse Ph. D., Université du Québec à Rimouski, Canada.
- Bastien, A., G.M.L. Perry, J.-Y. Savaria, L. Bernatchez et C. Audet. 2010. Genetic gain for growth and delayed sexual maturation using a feral strain of anadromous brook trout (*Salvelinus fontinalis*). North American Journal of Aquaculture, sous-presse.
- Josephson, D.Cl, J.M. Robinson, B.C. Weidel and C.E. Kraft (2008) Long-term retention and visibility of Visible Implant Elastomer tags in brook trout. North American Journal of Fisheries Management 28(6) : 1758-1761.
- Karas, N. (1997) Brook Trout. The Lyon Press, 369 pages
- Martin,S.,N. Soucy et L.Bernatchez (1999) Gestion génétique de l'omble de fontaine, souche Rupert. SORDAC. Document de transfert de technologie no 99.1, 38 p.
- Morin, R. (1996) Reproduction Incubation et Alevinage. Élevage de salmonidés Fascicule 3, 67 pages
- Morin, R (2006) L'amélioration génétique de l'omble de fontaine Rupert. L'aquicole vol. 11 no.1. 5-7.

Morin, R. (2007) Production piscicole au Québec. Document d'information DADD-02
MAPAQ, 9p.

Savaria, J.-Y. 1998. Amorce d'un programme de sélection génétique chez deux souches
d'ombles de fontaine en fonction des critères de croissance et de l'âge à la
maturation sexuelle. Mémoire de maîtrise. Université du Québec à Rimouski.
Québec, Canada.

Scott, W.B., Crossman, E.J. (1974) Poissons d'eau douce du Canada. Ministère de
l'environnement. Ottawa. Bulletin 184. 1026 p