

AGROCAMPUS
OUEST

- CFR Angers
 CFR Rennes



Année universitaire : 2015-2016

Spécialité : Agronomie

Spécialisation (et option éventuelle) :
Sciences halieutiques et aquacoles,
dominante : Production et Valorisation des
produits Halieutiques (PVH)

Mémoire de fin d'études

- d'Ingénieur de l'Institut Supérieur des Sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage
 de Master de l'Institut Supérieur des Sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage
 d'un autre établissement (étudiant arrivé en M2)

Paramètres génétiques de prédictors de rendement de découpe chez le bar et progrès génétiques potentiels par sélection

Par : Alice TOUBIANA



Soutenu à Agrocampus-ouest Rennes le 14 Septembre 2016

Devant le jury composé de :

Président : GUERIN Catherine

Maître de stage : HAFFRAY Pierrick

Enseignant référent : REVEILLAC Elodie

Les analyses et les conclusions de ce travail d'étudiant n'engagent que la responsabilité de son auteur et non celle d'AGROCAMPUS OUEST

Ce document est soumis aux conditions d'utilisation

«Paternité-Pas d'Utilisation Commerciale-Pas de Modification 4.0 France»

disponible en ligne <http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.fr>



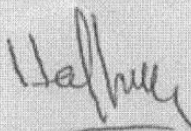
Confidentialité

Non Oui si oui : 1 an 5 ans 10 ans

Pendant toute la durée de confidentialité, aucune diffusion du mémoire n'est possible ⁽¹⁾.

Date et signature du maître de stage ⁽²⁾ :

16/09/2016



A la fin de la période de confidentialité, sa diffusion est soumise aux règles ci-dessous (droits d'auteur et autorisation de diffusion par l'enseignant à renseigner).

Droits d'auteur

L'auteur⁽³⁾ Alice TOUBIANA

autorise la diffusion de son travail (immédiatement ou à la fin de la période de confidentialité)

Oui Non

Si oui, il autorise

la diffusion papier du mémoire uniquement⁽⁴⁾

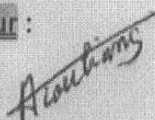
la diffusion papier du mémoire et la diffusion électronique du résumé

la diffusion papier et électronique du mémoire (joindre dans ce cas la fiche de conformité du mémoire numérique et le contrat de diffusion).

(Facultatif) accepte de placer son mémoire sous licence Creative commons CC-BY-NC-Nd (voir Guide du mémoire Chap 1.4 page 6)

Date et signature de l'auteur :

16/09/2016



Autorisation de diffusion par le responsable de spécialisation ou son représentant

L'enseignant juge le mémoire de qualité suffisante pour être diffusé (immédiatement ou à la fin de la période de confidentialité)

Oui Non

Si non, seul le titre du mémoire apparaîtra dans les bases de données.

Si oui, il autorise

la diffusion papier du mémoire uniquement⁽⁴⁾

la diffusion papier du mémoire et la diffusion électronique du résumé

la diffusion papier et électronique du mémoire

Date et signature de l'enseignant : 23/09/16.



Remerciements

Je tiens à remercier toute l'équipe du SYSAAF notamment son directeur M. Daniel Guéméné pour avoir accepté de m'accueillir au sein de sa structure. Je remercie également M. Pierrick Haffray, coordinateur de la section aquacole, d'avoir accepté ma candidature et de m'avoir ainsi permis de découvrir le SYSAAF et de faire ce stage.

Je remercie tout particulièrement M. Jérôme Bugeon (ingénieur de recherche dans l'équipe « Croissance et Qualité de la Chair » de l'INRA LPGP, Rennes) pour m'avoir encadré avec M. Pierrick Haffray, et fait profiter de leurs expériences tout en m'accordant le temps dont j'avais besoin. De même, je remercie Anastasia Bestin et Florian Enez pour leur supervision, leur disponibilité durant ce stage et pour les bons moments que nous avons pu partager ensemble.

Je souhaite également remercier la Ferme Marine du Douhet (FMD) et les Poissons du Soleil (LPDS) qui n'ont pas hésité à me transmettre les données nécessaires pour la rédaction de mon rapport.

J'ai le plaisir d'adresser mes remerciements à l'ensemble de l'équipe INRA pour m'avoir permis d'intégrer leur équipe, pour leur bonne humeur et pour ce super tournoi de ping-pong !

Je remercie également ma famille qui m'a soutenue tout du long de ce stage et de ces trois ans de formation (en France comme à l'étranger) ainsi que mes amis qui m'ont permis de passer trois années formidables à Agrocampus.

Enfin, je remercie également Mme Elodie Réveillac et Mme Catherine Guerin pour avoir accepté d'examiner ce travail.

Abréviations

BLUP	Best Linear Unbiased Prediction ou meilleur prédicteur Linéaire non-biaisé
CV	Coefficient de Variation
EBV	Estimated Breeding Values
FMD	Ferme Marine du Douhet
GMS	Grande et Moyenne Surface
h^2	Héritabilité
IC	Indice de Consommation
INRA	Institut national de la recherche agronomique
IRM	Imagerie par Résonance Magnétique
k	Coefficient de condition
LABOGENA	Laboratoire d'Analyses Génétiques pour les Espèces Animales
LPDS	Les Poissons du Soleil
LPGP	Laboratoire de Physiologie et Génomique des Poissons
PROSPER	Procédure Optimisée de Sélection Individuelle par Epreuves Répétées
R^2	Coefficient de détermination
SE	Standard Error
SYSAAF	Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français
TCJ	Taux de Croissance Journalier
VBA	Visual Basic pour Application
VCE	Variance Components Estimation
μ	Moyenne
σ	Ecart type

Table des matières

Remerciements	<i>i</i>
Abréviations	<i>ii</i>
Liste des figures	vi
Liste des tableaux	viii
Introduction	1
I) Matériel et méthodes	4
a) Elaboration et grossissement du lot	4
b) Abattage et mesures effectuées	5
b.1 Assignation des liens de parenté des individus	6
b.2 Prise des photographies	6
b.3 Acquisition des échographies	6
b.4 Obtention des coordonnées 3D	6
b.5 Grandeurs calculées	7
c) Traitement des photographies	7
d) Calcul des hauteurs et longueurs de références	8
e) Calcul des surfaces et volumes de références	8
f) Traitement des données et dévalidation des données	9
g) Identification des prédicteurs externes de rendement de découpe avec les performances phénotypiques	9
g.1 Définition des morphotypes sur lots extrêmes	9
g.2 Régression linéaire multiple	10
h) Comparaison de l'efficacité de prédiction entre la 2D et la 3D	11
i) Traitement génétique des données	12
i.1 Estimation des paramètres génétiques des critères de performances	12
i.2 Effets fixes et aléatoires	13
i.3 Estimation des gains génétiques potentiels	14
i.4 Les différentes méthodes de sélections	16
II) Résultats	17
a) Résultats des assignations de parenté	17
b) Performances phénotypiques	18
c) Prédicteurs externes de rendements 2D	18
c.1 Morphotype prédicteur du rendement tête 2D	18
c.2 Morphotype prédicteur du rendement de filetage 2D	19
c.3 Morphotype prédicteur du rendement en carcasse 2D	20
c.4 Morphotype prédicteur du rendement en carcasse étêtée 2D	20
d) Prédicteurs externes de rendements 3D	21
d.1 Morphotype prédicteur du rendement en tête 3D	21
d.2 Morphotype prédicteur du rendement en filet 3D	21
d.3 Morphotype prédicteur du rendement en carcasse 3D	22

d.4 Morphotype prédicteur du rendement en carcasse étêtée 3D _____	22
e) Comparaison de la qualité de la prédiction des deux méthodes (2D et 3D) utilisées _____	22
f) Modèles de prédiction _____	23
f.1) Meilleurs modèles prédictifs obtenus (comprenant des données 2D et 3D) _____	23
f.2) Les autres modèles prédictifs _____	24
f.3) La composition et les statistiques des modèles _____	25
g) Héritabilités et corrélations génétiques _____	25
g.1) Paramètres génétiques des caractères de production _____	25
g.2) Paramètres génétiques des mesures échographiques _____	26
g.3) Paramètres génétiques des résidus du poids des parties cibles et des rendements cibles _____	29
g.4) Héritabilité des prédicteurs de rendements de découpe _____	29
g.5) Corrélations génétiques entre les modèles prédictifs et les rendements _____	30
h) Estimation de la réponse à la sélection via le calcul du gain théorique _____	30
h.1) Gain théorique obtenus sur les modèles de prédiction, les rendements cibles et les résidus _____	30
h.2) Réponses corrélée obtenus en fonction des divers modèles de prédictions _____	30
h.3) Estimation des gains à partir des valeurs génétiques _____	32
III) Discussion _____	34
Modèles phénotypiques de prédictions des rendements _____	34
Des modèles phénotypiques équivalent à ceux du projet Bar-3D _____	35
La 3D n'est pas supérieur à la 2D _____	36
Ce que montre la morphologie des individus _____	36
Des héritabilités et corrélations génétiques des rendements de découpe encourageantes _____	36
Estimation des gains par sélection et valeurs génétiques _____	39
IV) Conclusion et perspectives d'application _____	40
V) Bibliographie _____	42
VI) Webographie _____	43
Annexe I : Eléments zootechniques relatif à l'élevage _____	45
Annexe II : Mesures échographiques réalisées lors du chantier de mesures _____	46
Annexe III : Définition des 16 points remarquables des coordonnées 3D _____	47
Annexe IV: Définition des 29 points remarquables des coordonnées 2D _____	48
Annexe V : Représentation graphique d'un résidu et équations _____	49
a) Représentation graphique _____	49
b) Equations des résidus obtenus _____	49
Annexe VI : Résultats graphiques des méthodes discriminantes 2D _____	50
a) Rendement en tête _____	50
b) Rendement en filet _____	51
c) Rendement en carcasse _____	51
d) Rendement en carcasse étêtée _____	52
Annexe VII : Résultats graphiques des méthodes discriminantes 3D _____	53
a) Rendement en tête _____	53
b) Rendement en filet _____	54

c) Rendement en carcasse _____	55
d) Rendement en carcasse étêtée _____	56
Annexe VIII : Définitions utiles en génétique quantitative _____	57
a) L'héritabilité _____	57
b) La corrélation génétique _____	58
c) La sélection _____	58
Annexe IX : Tableau des différences valeurs d'intensité de sélection _____	59
Annexe X : Libellés des variables utilisées dans les modèles prédictifs _____	60
Annexe XI : Seconds modèles retenus _____	61
a) Tête Modèle 2 _____	61
b) Filet Modèle 2 _____	61
c) Carcasse Modèle 2 _____	62
d) Carcasse étêtée Modèle 2 _____	62
Annexe XII : Modèles 3D volume _____	63
Annexe XIII : Modèles 3D surface _____	65
Annexe XIV : Modèles 2D 16 points _____	67
Annexe XV : Modèles simplifiés _____	69
Annexe XVI : Tableau des résultats génétiques relatif à l'étude des caractères : échographies, caractères phénotypiques et rendements cibles _____	71
Annexe XVII : Héritabilités des modèles de prédiction _____	72
Annexe XVIII : Corrélations génétiques entre les modèles prédictifs et les rendements de découpe _____	73
Annexe XIX: La « breeding accuracy » _____	74

Table des illustrations

Liste des figures

Figure I : bar européen www.asturnatura.com	1
Figure II : Points remarquables pour les données 3D	7
Figure III : Ensemble des 29 points remarquables sur une prise de vue latérale de bar	7
Figure IV : Ensemble des hauteurs de références	8
Figure V : Ensemble des longueurs de références	8
Figure VI : Aires des différentes parties calculées. At : aire de la tête ; Ad : aire du dos ; Av : aire du ventre ; Ach : aire de la caudale haut ; Acb : aire de la caudale bas.	8
Figure VII : Conformation vue de profil type des lots d'individus extrêmes en rendement tête élevé (bleu) et rendement tête faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ.	19
Figure VIII : Conformation vue de profil type des lots d'individus extrêmes en rendement filet élevé (bleu) et rendement filet faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ.	19
Figure IX : Conformation vue de profil type des lots d'individus extrêmes en rendement carcasse élevé (bleu) et rendement carcasse faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ.	20
Figure X : Conformation vue de profil type des lots d'individus extrêmes en rendement carcasse étêtée élevé (bleu) et rendement carcasse étêtée faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ.	20
Figure XI : Conformation vue de dessus type des lots d'individus extrêmes en rendement tête élevé (bleu) et rendement tête faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ	21
Figure XII : Conformation vue de dessus type des lots d'individus extrêmes en rendement filet élevé (bleu) et rendement filet faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ	21
Figure XIII : Conformation vue de dessus type des lots d'individus extrêmes en rendement carcasse élevé (bleu) et rendement carcasse faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ	22
Figure XIV : Conformation vue de dessus type des lots d'individus extrêmes en rendement carcasse étêtée élevé (bleu) et rendement carcasse étêtée faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ	22
Figure XV : Héritabilités (\pm SE) de la longueur à la fourche, du poids et des rendements de découpe; L = Longueur, P = Poids, K= Coefficient de condition, Rdt = Rendement	25
Figure XVI : Héritabilité des mesures échographiques	27
Figure XVII : Héritabilité des modèles prédictifs des rendements de coupes ciblent	29
Figure XVIII : Gains théoriques en fonction de différentes pressions de sélection allant de 1 à 80% sur les quatre rendements	30
Figure XIX : gains théoriques et réponses corrélées sur les rendements cibles estimés selon 30% de pression de sélection et les meilleurs modèles génétiques ; rdt = rendement, Rg = Réponse corrélée	31
Figure XX : Comparaison des gains théoriques obtenus en fonction de deux modèles prédictifs suivant une pression de sélection familiale sur-apparentée	32
Figure XXI : Valeur génétique des individus sélectionnés suivant différents taux de consanguinité pour une pression de sélection massale de 30% ; R = Rendement, cee = carcasse éviscérée étêtée	32
Figure XXII : Estimation de l'augmentation des rendements cibles en 4 générations avec un taux de consanguinité de 0% via une sélection familiale et via le mode de sélection d'optichoix (notée VG) ; Rdt = rendement, Cee = carcasse éviscérée étêtée	33
Figure XXIII : Comparaison des gains obtenus sur le rendement de filetage, en carcasse éviscérée étêtée et des gains obtenus sur le rendement de filetage par réponse corrélée des deux rendements et du meilleurs modèles en filetage (M5) avec 30% de pression	39
Figure XXIV : Schéma représentant les différentes échographies réalisées. E1: Echo 1 = Profondeur du muscle dorsal antérieur; E2: Echo 2 = Muscle dorsal intermédiaire; E3: Echo 3 = Muscle dorsal postérieur; E4: Echo 4 = Muscle latéral antérieur, E5: Echo 5 = Muscle latéral intermédiaire ; E6 : Echo 6 = Muscle latéral postérieur ; E7 : Echo 7 = Muscle abdominal antérieur ; E8 : Echo 8 = Muscle abdominal intermédiaire ; E9 : Echo 9 = Muscle abdominal postérieur ; E23 : Echo 23 = Profondeur de la cavité abdominale	46
Figure XXV : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement en tête, méthode 2D	50
Figure XXVI : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement en tête, méthode 2D	50

<i>Figure XXVII : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement filet, méthode 2D</i>	51
<i>Figure XXVIII : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement filet, méthode 2D</i>	51
<i>Figure XXIX : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse, méthode 2D</i>	51
<i>Figure XXX : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse, méthode 2D</i>	52
<i>Figure XXXI : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse étêtée, méthode 2D</i>	52
<i>Figure XXXII : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse étêtée, méthode 2D</i>	52
<i>Figure XXXIII : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement en tête, méthode 3D</i>	53
<i>Figure XXXIV : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement en tête, méthode 3D</i>	53
<i>Figure XXXV : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement filet, méthode 3D</i>	54
<i>Figure XXXVI : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement filet, méthode 3D</i>	54
<i>Figure XXXVII : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse, méthode 3D</i>	55
<i>Figure XXXVIII : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse, méthode 3D</i>	55
<i>Figure XXXIX : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse étêtée, méthode 3D</i>	56
<i>Figure XL : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse étêtée, méthode 3D</i>	56

Liste des tableaux

Tableau I : Efficacité des assignations de parenté	17
Tableau II : Présentation des performances obtenues lors du chantier de découpe	18
Tableau III : Présentation des performances des variables brutes obtenues pour les mesures échographiques. .	18
Tableau IV : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement tête 2D et résultat statistique de l'analyse discriminante pour le rendement tête 2D (MorphoJ).....	19
Tableau V : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement filet 2D et résultat statistique de l'analyse discriminante pour le rendement filet 2D (MorphoJ)	19
Tableau VI : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement carcasse 2D et résultat statistique de l'analyse discriminante pour le rendement carcasse 2D (MorphoJ).....	20
Tableau VII : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement carcasse étêtée 2D et résultat statistique de l'analyse discriminante pour le rendement carcasse étêtée 2D (MorphoJ)	20
Tableau VIII : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement tête 3D et résultats statistiques de l'analyse discriminante pour le rendement tête 3D (MorphoJ) ..	21
Tableau IX : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement filet 3D et résultats statistiques de l'analyse discriminante pour le rendement filet 3D (MorphoJ) ...	21
Tableau X : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement carcasse 3D et résultats statistiques de l'analyse discriminante pour le rendement carcasse 3D (MorphoJ).....	22
Tableau XI : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement carcasse étêtée 3D et résultats statistiques de l'analyse discriminante pour le rendement carcasse étêtée 3D (MorphoJ)	22
Tableau XII : Coefficient de corrélation (R^2) des méthodes 2D et 3D pour les différents rendements cibles.....	22
Tableau XIII : Coefficient de corrélation (R^2) de l'ensemble des modèles de prédiction.....	24
Tableau XIV : Héritabilités ($\pm SE$), corrélations génétiques ($\pm SE$) et phénotypiques des variables brutes et des différents rendements.....	26
Tableau XV : Corrélations génétiques ($\pm SE$) et héritabilités ($\pm SE$) des résidus de rendement ; carc = carcasse, cee = carcasse éviscérée étêtée	28
Tableau XVI : Corrélations génétiques ($\pm SE$) et héritabilités ($\pm SE$) des rendements ; Rdt = rendement.....	28
Tableau XVII : Héritabilités ($\pm SE$) des rendements, des résidus et corrélations génétiques ($\pm SE$) entre rendement et résidus des différentes parties cibles	28
Tableau XVIII : Corrélations génétiques ($\pm SE$) entre les résidus et les rendements	28
Tableau XIX : Description des 29 points remarquables des données 3D	47
Tableau XX : Descriptions des 29 points remarquables.....	48
Tableau XXI : Tableau statistique de la discrimination entre les hauts et bas rendements en tête, méthode 3D	53
Tableau XXII : Tableau statistique de la discrimination entre les hauts et bas rendements filet, méthode 3D	54
Tableau XXIII : Tableau statistique de la discrimination entre les hauts et bas rendements carcasse, méthode 3D	55
Tableau XXIV : Tableau statistique de la discrimination entre les hauts et bas rendements carcasse étêtée, méthode 3D.....	56
Tableau XXV : Intensité de sélection (i) et seuil de détection (x) en fonction de la proportion d'individus retenus pour la reproduction (p , exprimé en pourcentage). Les valeurs de x pour $p > 50\%$ s'obtiennent par symétrie	59
Tableau XXVI : Héritabilités ($\pm SE$), corrélations génétiques ($\pm SE$) et phénotypiques des mesures échographiques, des rendements cibles et des principales variables brutes ; R = Rendement, cee = Carcasse éviscérée étêtée	71
Tableau XXVII : Héritabilités ($\pm SE$) des modèles prédictifs	72
Tableau XXVIII : Corrélation génétique ($\pm SE$) entre les rendements de découpes et leur modèles prédictifs (surligné en bleu).....	73
Tableau XXIX : Corrélations génétiques ($\pm SE$) des modèles avec leurs rendements cibles.....	73

Introduction

Le bar européen (*Dicentrarchus labrax*, Linnaeus, 1758) est un poisson démersal de la famille des Moronidés pouvant atteindre, au maximum, 100 cm pour un poids de 10 kg à 12 kg, (« *Dicentrarchus labrax* | DORIS » 2016) aussi surnommé à tort loup de méditerranée. En effet, le bar et le loup sont subdivisés en deux sous espèces appartenant à deux lignées hybrides naturelles, l'une habitant dans l'océan Atlantique nord-est et l'autre dans la Mer Méditerranée et la mer Noire. Chacune de ces deux sous-espèces possèdent une portion de chromosome unique et propre à chaque lignée qui révèle une période d'isolement génétique et géographique. (Tine et al. 2014). Elles tendent à se ré-homogénéiser avec l'ouverture de la Méditerranée, la portion de chromosome unique se réduisant avec le temps à l'échelle de l'évolution.



Figure 1 : bar européen www.asturnatura.com

Cette espèce est l'une des plus importantes économiquement du point de vue de la pêche professionnelle française et est la première espèce cible des pêches de loisir. Le bar est essentiellement pêché avec des chaluts de fond ou des chaluts pélagiques, en 2009, 5200 tonnes ont été débarquées en France. Le prix moyen mensuel du bar sauvage est très saisonnier et présente une forte variabilité puisqu'il oscille, en criée, entre 6 et près de 16 € le kilo. (« Drogou et al. 2011)

Son élevage a débuté en 1970 avec la production en masse de juvéniles mais son cycle de production ne fut réellement maîtrisé qu'à partir des années 1990. Grâce à ses capacités d'adaptation son élevage peut-être intensif, extensif ou semi-intensif. (Linnaeus 1758) Il contribue à 94% de la production piscicole totale européenne avec le saumon, la truite, la carpe et la daurade. (FEAP, 2016). La France produit, à elle seule, aujourd'hui près de 5000 tonnes de bars sans compter la production d'œufs non déclarée destinée principalement à l'exportation. (« FranceAgriMer 2015)

De nos jours, les cheptels les plus avancés en sont à leur sixième génération de sélection tandis que d'autres utilisent encore des reproducteurs sauvages. La Ferme Marine du Douhet avec laquelle travaille le SYSAAF en est à sa deuxième génération.

Les élevages de truites, quant à eux, sont plus développés et atteignent désormais dix générations de sélection (principalement sur la croissance et les rendements de découpe). Les procédures « PROSPER » (PRocédure Optimisée de Sélection individuelle Par Épreuves Répétées) ou les projets de type « Truitafilet » ont prouvé leur efficacité. Ils ont permis à la filière truite d'améliorer la vitesse de croissance, la morphologie externe et la gestion de leurs pedigrees assistés par empreintes génétiques en estimant les paramètres génétique de prédiction de rendement de manière non létale. (« Haffray et al » 2006).

De la même manière des projets de recherche visent maintenant à l'amélioration de la filière bar. Le projet européen FISHBOOST (2013 à 2018, FP7) est mené en partenariat par le SYSAAF et l'INRA ainsi que 24 autres partenaires européens. Il s'agit du septième projet visant à stimuler la domestication établie des espèces de poissons d'élevage par sélection. Il concerne six espèces d'aquaculture dont le bar.

Les thématiques abordées sont :

- L'amélioration de l'efficacité de production
- L'amélioration de la résistance aux maladies
- Le développement des outils génomiques
- L'évaluation économique

- La formation, la communication et la diffusion
- Le management
- L'amélioration de la perception de l'élevage et de l'aquaculture
- L'optimisation des systèmes d'élevage

(« FISHBOOST » 2016)

L'objectif de ce stage est d'évaluer les bases génétiques de la morphologie externe du bar afin d'utiliser la morphologie pour prédire les rendements de découpe de façon non létale. Cette thématique est abordée par le projet européen dans l'amélioration de l'efficacité de production.

Au-delà des attentes du consommateur, les choix en termes de qualité des produits s'élaborent au niveau des filières en fonction des possibilités de valorisation économique du produit et des meilleurs compromis technico-économiques. (« Le Bihan-Duval et al 2013)

Le rendement en filet est le critère de qualité le plus recherché dans ce projet. Toutefois, la composition des pièces primaires (carcasse, tête) est essentielle à la détermination de la valeur économique des filets ou d'autres stades de découpe intermédiaires. A terme, le but serait d'améliorer le rendement de filetage et donc d'obtenir une meilleure rentabilité de la production. Toutefois, pour mesurer ce caractère, le problème majeur rencontré est la nécessité d'euthanasier et découper les individus afin de connaître leur rendement de filetage, ces animaux ne pouvant alors plus être reproduits. L'idéal serait donc de développer une méthode, non létale, permettant de s'affranchir de cette étape de découpe.

L'analyse de la relation entre la morphologie externe et/ou interne et les rendements de découpe constitue l'une des voies d'approche des plus intéressantes. Ces analyses ont été envisagées sur de nombreuses espèces telles le poisson chat (*Pangasianodon hypophthalmus*) (Sang et al. 2009) ou encore le turbot (*Psettoodes erumei*) (« Yasemi M et al 2011)

A l'étranger, en 1995, Rye et al commencent à étudier les caractères génétiques et phénotypiques de la taille du corps du saumon Atlantique (*Salmo Salar*) (Rye et Refstie 1995). Il en ressort qu'il existe une forte corrélation génétique entre la longueur, la circonférence du corps et le poids des individus quel que soit leur stade de développement. Les héritabilités du poids vif, poids de carcasse et du coefficient de condition sont intermédiaires (0.35-0.38) et montrent qu'il est possible de sélectionner sur la forme générale des individus.

Certains auteurs proposent d'améliorer le rendement de filetage en diminuant significativement la taille de la tête ou le volume de la cavité intestinale (ce qui revient à diminuer le volume des organes intestinaux) ou bien en sélectionnant sur le poids vif. Cependant il est important de noter que cette modification de conformation peut également avoir un impact défavorable sur d'autres caractères morphologiques des individus (rendement en carcasse, tête etc). Ces modifications pourraient également impacter l'intégrité physiologique des individus. (Nguyen et al. 2010) (Gjerde et al. 2012)

En 2012, des corrélations génétiques obtenues entre le rendement de filetage et le taux de croissance sur le Tilapia du Nil (*Oreochromis niloticus*), montraient un lien génétique existant entre ces deux caractères suggérant une possible sélection. Cependant les changements seraient lents mais progressifs. (Thodesen et al. 2012)

En France, plusieurs projets ont déjà identifié des prédictors de rendements de découpe sur plusieurs espèces.

Une étude sur le bar menée par Saillant et al a montré en 2006, que les valeurs génétiques des caractères (longueur, taille, poids etc) étaient stables en fonction de l'âge et pouvaient donc être utilisées tout au long du cycle de production. (Saillant et al. 2006)

Par la suite, l'héritabilité du rendement de filetage du bar est estimée à $0,25 \pm 0,10$, ce qui le place dans la fourchette des estimations rapportées dans d'autres espèces, y compris *Oreochromis niloticus* (0,12), *C. carpio* (0,28), ou *O. mykiss* (0,33). Cette valeur modérée pour l'héritabilité du rendement en filet suggère que la réponse à la sélection pour l'amélioration du rendement en filet serait lente, mais réalisable. (Saillant et al. 2009).

En 2011, un stage de fin d'étude réalisé au SYSAAF, mené sur la daurade (*Sparus aurata*) démontre la possible utilisation d'images 2D dans l'analyse de la morphologie et abouti à l'obtention de modèles prédictifs des rendements tête, carcasse, carcasse éviscérée étêtée et filet. (Servan et al, 2011).

En 2013 Haffray et al obtient de même des modèles prédictifs du rendement tête, carcasse et carcasse éviscérée étêtée de la truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*). (Haffray et al. 2013). Les résultats de ce travail sur la truite sont ensuite repris et confirmés par Ouattara et al en 2015 sur la daurade.

Pour finir, le développement des technologies, a permis l'apparition d'une nouvelle méthode permettant de relever les coordonnées 3D des individus (x,y,z). Cette méthode apporte plus d'informations (notion de relief, volume) que la méthode 2D initialement utilisée pour l'analyse morpho-métrique à partir de photographies 2D.

Le projet Bar3D (Vandeputte et al, 2012) avait déjà pour objectif d'établir des prédicteurs non létaux des rendements de découpe (éviscération et filetage) à partir de données 3D. Il utilisait pour cela des données 2D obtenues à partir de traitement de photographies ainsi que des données 3D relevées à l'aide d'un bras de palpation Micro scribe® utilisé en paléontologie et en anthropologie (Masharawi et al. 2008). Lors de ce projet un système informatique de saisie de points biologiques en 3D a été développé. Cela aura entre autre permis de valider l'utilisation de ces deux méthodes d'analyses morphométriques (2D et 3D) et de confirmer la possible utilisation de prédicteurs de rendement de découpe. De premiers résultats ont ainsi été acquis mais plusieurs difficultés, dont un taux d'assignation de parenté limité et un dysfonctionnement du système de référentiel des coordonnées 3D n'ont pas permis de disposer d'un grand nombre d'individus (n=794) et donc de résultats éprouvés. (BAR-3D : Prédiction tridimensionnelle des rendements de découpe et du sexe pour la sélection génétique du bar, non publié).

Au regard de ces travaux conduit en parallèle sur plusieurs espèces et plus récemment chez le bar (Projet Bar-3D), quatre questions prioritaires ont été identifiées :

- **Est-il possible de prédire chez le bar, de façon non létale les rendements en filet, tête, carcasse et/ou carcasse étêtée ?**
- **Ces prédicteurs sont-ils héréditaires et quels gains sont à espérer d'une sélection sur ces prédicteurs (quelles corrélations génétiques entre prédicteur et caractère à prédire ?)**
- **L'analyse de la morphologie 3D peut-elle contribuer à améliorer les prédicteurs par rapport à la 2D ?**
- **Est-il possible de simplifier les modèles de prédiction pour une application en sélection commerciale ?**

Le stage s'est déroulé comme suit : Après une première phase de définition et de mesure de différentes grandeurs morphométriques sur 1500 images 2D, les mesures les plus pertinentes susceptibles de prédire au mieux les rendements de découpe ont été identifiées. Les mesures 2D et 3D ont été comparées entre elles afin d'évaluer la méthode la plus discriminante de manière à faciliter la prise de mesures sur le terrain, d'assurer une répétabilité des mesures en choisissant des grandeurs simples à mesurer tout en augmentant (si possible) l'efficacité à la prise des mesures. La variabilité des caractères sélectionnés a été estimée ainsi que leurs corrélations

génétiques avec les rendements cibles. Et pour finir, des gains théoriques ont également été estimés.

I) Matériel et méthodes

a) Elaboration et grossissement du lot

Les poissons utilisés pour ce projet ont été produits par fécondation artificielle par la Ferme Marine du Douhet (FMD, Oléron, 17). Ils ont ensuite été grossis par Les poissons du Soleil (LPDS, Salse-le-Château, 66). Ces deux piscicultures appartiennent au groupe Aqualande, un groupe coopératif aujourd'hui leader français de l'aquaculture (« Aqualande, un groupe coopératif dynamique » 2016).

140 familles de pleins frères ont été produites le 24 Février 2014 à l'aide de 5 factoriels de 9 femelles pour 10 mâles, avec 19 mères et 50 pères.

L'élevage a nécessité plusieurs opérations (transfert de bassin, vaccination...) et le maintien de conditions optimales (températures). Leur production est décrite ci-dessous :

2500 bars ont été livrés par la FMD le 05/11/2014 à un poids moyen de 45g (ils sont alors âgés de 250 jours). Ils ont alors été élevés dans un bassin de 10m³. Un TCJ de 4.12% est relevé pour cette période.

Les éléments relatifs à l'élevage des animaux est disponible en annexe I.

Deux mois plus tard (le 06/01/15) les poissons ont été vaccinés contre *Aeromonas*, la vibriose et la pasteurellose (anesthésiés à la benzocaïne à 1ml/L d'eau et vaccinés par injection à la main un par un à l'aide d'un pistolet) et transférés dans un nouveau bassin. Les individus ont alors 312 jours et un poids moyen de 63g.

Deux jours avant le premier abattage les animaux ont tous été mis à jeun (le 16/01/16). Un premier abattage de 983 individus a ensuite eu lieu le 18/01/16 lorsque les bars avaient 689 jours et un poids moyen de 288g. Les 938 individus restant ont été abattu à 691 jours. L'indice de consommation (IC) de cette période est de 1,57 et le TCJ de 0.45.

Le TCJ permet de mesurer l'augmentation en poids journalière, déterminé, pour une courte période, à partir d'un échantillon de poissons, et est calculé par la formule suivante: $g = (\ln W_t - \ln W_0) / (t_1 - t_0)$ où W_t est le poids du poisson après t_1 jours, W_0 le poids initial et \ln le logarithme naturel. (« Taux de croissance instantanée : définition » 2016)

L'IC est un critère utilisé en zootechnie pour mesurer l'efficacité de la conversion d'un aliment en une production donnée (la croissance pondérale généralement) par un animal ou une population. Au sens strict, il s'agit du rapport entre une quantité d'énergie digestible consommée mesurée (par exemple en unités fourragères) et une quantité de production exprimée en kilogrammes.

La température moyenne des bassins est de 16,04°C et la mortalité sur la période de 4.58%.

Au total 1921 individus ont été abattus sur la période, dont 1499 ont servis pour la réalisation du jeu de données du projet.

Le lot utilisé correspond à la seconde cohorte de la 2^{ème} génération d'individus de la lignée bar (une lignée représente une population d'animaux d'élevage avec un nombre de reproducteurs limité qui peut être subdivisée en cohorte). La cohorte étant un ensemble d'individus élevés ensemble depuis leur naissance et dans les mêmes conditions.

Il est important de rajouter que les individus ayant servis pour ce projet proviennent d'un lot qui n'a jamais été sélectionné sur quoi que ce soit (croissance, caractère de reproduction...) par le passé, c'est le lot dérivé de la cohorte numéro 2. C'est le principe même

du lot dérivé de la sélection pour l'estimation des paramètres génétiques. En effet dans ce lot, l'ensemble de la variabilité génétique de la cohorte est présente. Les autres cohortes restées à FMD pour sélection ont subi, elles, plusieurs tris conduisant à l'élimination de certains individus. Potentiellement certains pères ne sont alors plus représentés et certaines mères peuvent, dans ce cas, également être écartées par l'intermédiaire de leurs descendants éliminés lors de tris.

b) Abattage et mesures effectuées

L'abattage et le chantier de mesures (du 18 au 21 Janvier 2016) étaient prévus pour un poids moyen de 230g sur des individus âgés d'environ deux ans. Le chantier a duré quatre jours, le temps de pouvoir récupérer les données sur 1499 individus.

Le chantier de mesures est organisé de la manière suivante :

- Pêche et anesthésie létale des poissons. Les animaux ont été euthanasiés avec une dose létale d'anesthésique pour éviter un stress de pêche et d'avoir des poissons en rigor mortis lors des mesures.
- Pesée du poids vif, mesure de la longueur à la fourche (à 0,1cm près) et prélèvement d'un échantillon de nageoire pour analyses ADN ultérieures
- Prise des données en trois dimensions (3D)
- Photographies
- Echographies
- Prise de mesures au Fat-meter (Distell®, UK). Cet appareil est spécialement conçu pour mesurer la teneur en matières grasses des poissons ou des viandes. (données non présentées dans le compte rendu)
- Dissection (ouverture de la cavité abdominale, retrait des viscères, dissociation de la rate et des gonades)
- Filetage (filet gauche, non paré non pelé)
- Pesée des différentes parties (tête, demi-carcasse éviscérée étêtée, filet, viscères, gonades, rate). Trois balances sont respectivement utilisées pour les différentes pesées.
 - Balance (KERN® 15K0.5IP) de précision à 0,5g près pour le filet, la carcasse la tête et le poisson entier
 - Balance (KERN® KMB-TM 440-49A) précise à 0,1g près pour la pesée des viscères
 - Balance (DINI-ARGE®) de précision 0,1g pour la pesée de la rate et des gonades
- Sexage de l'individu

Toutes les mesures sont enregistrées en direct dans une base de données de l'entreprise (INFAQUA, SYSAAF). A chaque poste un ordinateur relié à un lecteur de transpondeur électronique ISO RFID (Biolog-id®, Bernay, 27) permet l'identification du poisson. A chacun est assignée une clef informatique individuelle unique, un identifiant ainsi qu'un ordre de passage qui permettront par la suite, lors du traitement de données, de ne pas mélanger ces dernières.

L'ensemble des données collectées lors du chantier de mesures dans la base de données INFAQUA de FMD ont été sauvegardées sous ORACLE® sur le serveur du SYSAAF hébergé à Nouzilly (37). Les données ont ensuite été importées dans la base de données INFAQUA sous ACCESS®.

b.1 Assignation des liens de parenté des individus

L'assignation permet de connaître a posteriori les parents des individus formant les fichiers de pédigrée utilisés en génétique.

Pour se faire, la nageoire pectorale gauche de chaque individu a été prélevée lors du chantier d'abattage. Un morceau de chaque nageoire est ensuite découpé et stocké dans un tube Eppendorf à code bar. Ces prélèvements sont effectués dès l'entrée de la chaîne de mesure. Les échantillons sont conservés dans de l'alcool à 90°. Le code du tube et le numéro de transpondeur recevant l'échantillon sont également saisis dans la base de données INFAQUA. Les échantillons de nageoire sont génotypés par le laboratoire de génotypage des animaux domestiques LABOGENA DNA (Jouy-en-Josas) à l'aide de 11 marqueurs microsatellites. Un microsatellite correspond à une courte séquence d'ADN (1 à 4 nucléotides généralement) répété en tandem (toujours dans le même sens), un certain nombre de fois. (« Génétique » 2016)

b.2 Prise des photographies

Chaque bar est photographié en vue latérale gauche à l'aide d'un appareil photo numérique (CANON EOS 1000D). Sur chaque cliché apparaît une règle de mesure, le numéro de passage de l'individu ainsi qu'un étalon de couleur qui joue le rôle de standard interne de lumière.

Les images ont été enregistrées au format de compression JPEG (Joint Photographic Experts Group), horodaté et nommé automatiquement par le logiciel de l'appareil photo (EOS Utility).

b.3 Acquisition des échographies

Sept mesures échographiques de profondeur et d'épaisseur ont été réalisées à l'aide d'un échographe portable (Hospimedi, LC100, sonde linéaire biphasique 5-7,5 MHz) (annexe II).

- Echo 2 : Epaisseur du muscle dorsal intermédiaire (à l'aplomb du milieu du dos)
- Echo 4 : Epaisseur du muscle latéral antérieur
- Echo 5 : Epaisseur du muscle latéral intermédiaire
- Echo 6 : Epaisseur du muscle latéral postérieur
- Echo 8 : Epaisseur du muscle abdominal intermédiaire
- Echo 9 : Epaisseur du muscle abdominal postérieur
- Echo 23 : Profondeur de la cavité abdominale

b.4 Obtention des coordonnées 3D

Lors du chantier 16 points repères ont été relevés. Leurs coordonnées (x,y,z) sont enregistrées à l'aide d'un bras télescopique (Bras 3D Microscribe®) et d'un logiciel dédié, les données sont ensuite exportées au format Excel (« MicroScribe G Product Sheet revF.indd - MICROSCRIBE_G_KAL.pdf » 2016). Le bras est connecté à un ordinateur, lui-même connecté à un lecteur de puce RFID portable de type Petscan pour associer les données 3D à un individu marqué. Les coordonnées sont directement calibrées (en millimètres). Les points repères sont représentés dans la figure II (leur description est disponible en annexe III) :

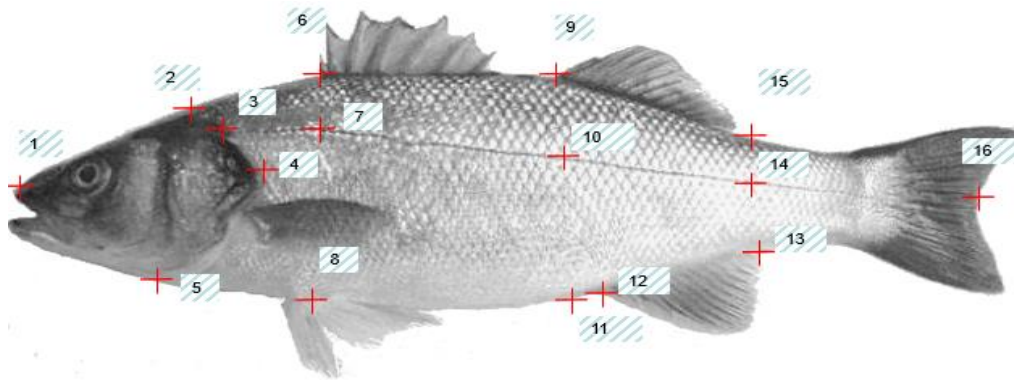


Figure II : Points remarquables pour les données 3D

Les prises de données 3D permettront par la suite de calculer des volumes.

b.5 Grandeurs calculées

Plusieurs grandeurs (rendements en tête, filet, carcasse et carcasse et coefficient de condition) ont été calculées à partir des données relevées sur le chantier selon les formules suivantes :

- Coefficient de condition (K)

$$K = \frac{\text{Poids}}{\text{Longueur}^3}$$

- Rendement $R_x = \frac{\text{Poids } x}{\text{Poids vif}}$

Le coefficient de condition (K) permet de donner un aperçus de la morphologie des individus, quantifiable (indique si ils sont plus allongés ou plus trapus par exemple).

c) Traitement des photographies

Après concertation avec les membres de l'équipe du SYSAAF et de l'INRA, 29 points remarquables ont été retenus. Les définitions de ces 29 points repères sont disponibles en annexe IV :

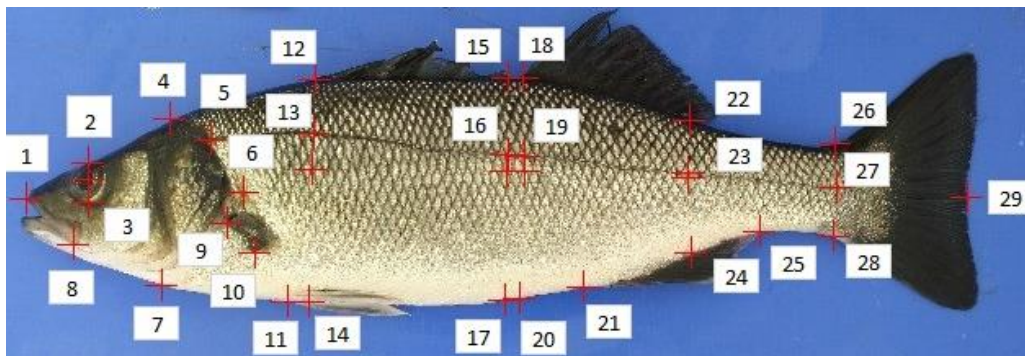


Figure III : Ensemble des 29 points remarquables sur une prise de vue latérale de bar

La saisie des points s'est effectuée avec un logiciel de traitement d'image (Visilog 6®). Les images ont été recadrées afin que le poisson soit le plus horizontal possible sur l'écran. Afin que les résultats soient reproductibles, il est important que chaque point soit saisi dans les mêmes conditions. Le logiciel exporte et stocke ensuite les coordonnées (x,y) de chaque point dans un fichier Excel.

L'application utilisée sous Visilog est développée en langage VBA (Visual Basic pour Application).

d) Calcul des hauteurs et longueurs de références

A partir des coordonnées (x,y) des points obtenus en 2D, 12 hauteurs (notées H_x) ont été calculées de la manière suivante avec *d* la distance entre le points A de coordonnées (x_a,y_a) et le point B de coordonnées(x_b,y_b) :

$$d = \sqrt{(x_b - x_a)^2 + (y_b - y_a)^2}$$

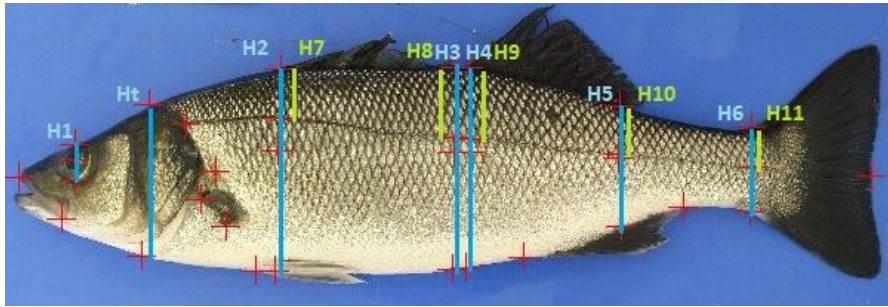


Figure IV : Ensemble des hauteurs de références

La même méthode a été appliquée afin d'obtenir 10 longueurs de références (notées L_x).

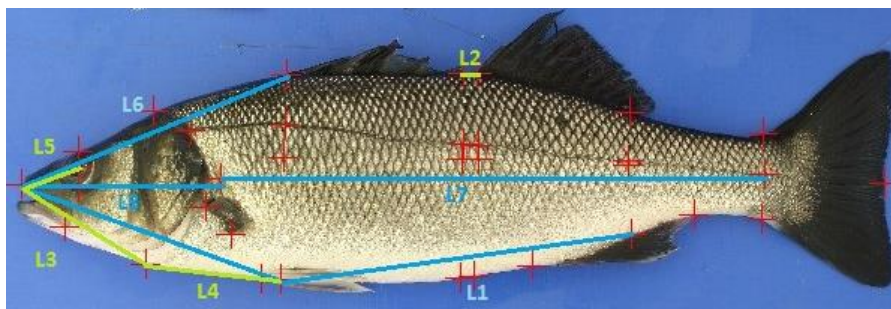


Figure V : Ensemble des longueurs de références

e) Calcul des surfaces et volumes de références

Les volumes et surfaces calculées ont été obtenues grâce aux coordonnées 2D et 3D. Le logiciel R a permis de calculer rapidement les volumes et surfaces nécessaires à partir du package « geometry ». Ces grandeurs sont présentées sur la figure VI :

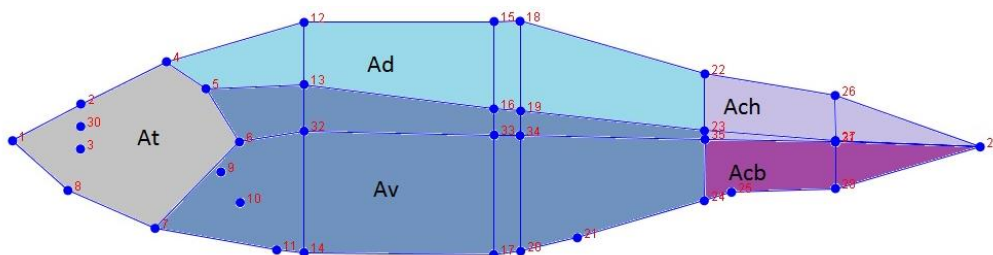


Figure VI : Aires des différentes parties calculées. At : aire de la tête ; Ad : aire du dos ; Av : aire du ventre ; Ach : aire de la caudale haut ; Acb : aire de la caudale bas.

Aucune image correspondant aux volumes calculés n'est présentée car les volumes calculés correspondent sensiblement aux parties dont les aires ont été obtenues (Figure ci-dessus).

f) Traitement des données et dévalidation des données

Afin d'avoir un jeu de données complet, chaque individu pour lequel il manquait une donnée a été supprimé. Les données ont ensuite été analysées afin d'éliminer celles dites « aberrantes » et pouvant donc fausser l'analyse. Pour cela des régressions linéaires ont permis d'identifier les individus dont les valeurs sortaient du lot. De même un contrôle des poids a été effectué en vérifiant le poids des sommes des parties des individus (la même chose a été faite pour le contrôle des longueurs). Un écart de plus ou moins 5% du poids entre la somme des parties et le poids vif conduisait à l'élimination des poids. L'objectif de cette opération est d'obtenir une base de données complète dont l'ensemble des mesures ont été contrôlées et validées.

g) Identification des prédicteurs externes de rendement de découpe avec les performances phénotypiques

Afin de s'affranchir de l'effet du poids vif sur le poids des compartiments corporels (tête, carcasse, filet) et de linéariser les données, le calcul du log des différences de poids a été obtenu et des régressions linéaires entre le logarithme du poids d'intérêt et le log du poids vif ont été réalisées. La performance phénotypique de chaque individu correspond alors à l'écart à la régression, aussi appelés résidus de chaque individus par rapport à la population (annexe V). L'objectif est d'éliminer le biais pouvant être causé par la non linéarité de l'effet du poids lors du calcul d'un rendement en utilisant la relation d'allométrie de croissance. L'allométrie consistant en une croissance rapide d'un organe, dit allométrique, par rapport aux autres, entraînant une modification de proportion. (« Allométrie : définition » 2016).

De manière générale, l'examen direct des résidus d'un modèle permet de détecter des individus s'écartant du « modèle » (ici le poids moyen de la partie considérée), ainsi il est plus aisé de classer les individus. Ici, les résidus ont été obtenus à partir de données logarithmiques et jouent un rôle « d'équivalent biologique direct » des rendements en tête, filet, carcasse et carcasse étêtée corrigé de l'effet éventuel du poids.

g.1 Définition des morphotypes sur lots extrêmes

Des lots de phénotypes « extrêmes » ont en premier lieu été réalisés sous Excel afin de voir si on pouvait différencier morphologiquement des individus à fort et faible rendement.

Une première étape a consisté à faire un tri (via Excel) des individus sur les écarts à la régression entre le logarithme du poids de la partie considérée et le logarithme du poids des individus, afin d'identifier les 150 sujets (10% des individus totaux) présentant les valeurs de rendement de découpe les plus extrêmes (bon et mauvais rendements).

Ce n'est pas à proprement parler la forme qui est étudiée ici mais la conformation, autrement dit les proportions relatives. En effet, utiliser le terme de forme n'est pas adapté puisqu'il implique que la taille soit prise en compte. On peut le résumer ainsi :

Forme = taille + conformation.

Par la suite, la forme de ces 300 individus (150 à haut et 150 à bas rendement pour chaque rendement considéré) a été analysée à l'aide du logiciel MorphoJ qui combine un large éventail de méthodes d'analyses de formes dans différents contextes biologiques. ((Klingenberg 2011)MorphoJ: an integrated software package for geometric morphometrics)

Ce logiciel permet de faire de la morphométrie géométrique à partir de données 2D et 3D. L'utilisation de données 3D permet de sortir des illustrations vue sous différents angles. Cela permet de visualiser la profondeur et l'épaisseur de certaines parties. Trois angles de conformation possible existent, la conformation vue de profil une vue de face et une de dessus. Pour la méthode 2D, seule la conformation vue de profil est possible.

L'étude des différentes conformations permet de visualiser les différences morphométriques d'une population en prenant en compte l'ensemble des points remarquables présélectionnés par l'utilisateur. Pour chaque rendement, le logiciel discrimine les individus à haut et bas rendement. La signification de cette discrimination s'exprime par la valeur de la P-value. L'analyse discriminante est réalisée à partir des coordonnées Procruste de chaque individu. Ces coordonnées correspondent aux nouvelles coordonnées cartésiennes des points homologues centrés, mis à l'échelle et orientés après superposition (BALASSE et al. 2015). Cette superposition de coordonnées permet de s'affranchir totalement de la taille. La moyenne des coordonnées Procruste fournit alors une représentation moyenne de la population. La distance entre deux configurations de coordonnées Procruste dans l'espace des conformations, appelé distance Procruste, permet de mesurer la (dis)similarité entre deux ou plusieurs conformations. (BALASSE et al. 2015)

Une analyse discriminante est également réalisée sous MorphoJ à partir des coordonnées des points pour obtenir les vecteurs de forme qui discriminent les deux groupes et ainsi permet de visualiser graphiquement ces différences. Les figures obtenues sont présentées en II.c.

g.2 Régression linéaire multiple

La régression linéaire multiple est une généralisation à p variables quantitative dites explicatives (ou prédictives) de la régression linéaire simple. On cherche à expliquer (ou prédire), avec le plus de pertinence possible (ce qui se traduit par un coefficient de détermination (R^2) le plus grand possible), les valeurs prises par Y (dite variable endogène) à partir d'une série de variables explicatives (X_1, X_2, \dots) et d'un ensemble d'individus (ici les 1499 bars). (Pagès 2010).

Les caractères identifiés comme potentiellement les plus discriminants sont introduits dans un modèle de régression linéaire multiple en ne conservant que les caractères informatifs et non redondants en tant que variables explicatives.

Les modèles obtenus n'auront pas l'ambition de prédire les performances dans l'absolu mais de donner une idée, une approximation des rendements futurs.

Ainsi le rôle du modèle prédictif permet non seulement de comprendre un caractère mais aussi de retenir des données de façon raisonné parmi une très grande quantité d'information. (« LES DIEUX DE LA STAT | Modélisation prédictive » 2016)

La pertinence de chaque modèle est fonction du R^2 et de la valeur du F (test statistique de Fisher) de l'équation établie à l'aide de la fonction « Reg best » du package « Factominer » du logiciel R (Version 3.1.3) selon l'équation :

$$Y_i = a_0 + a_1 X_{i1} + a_2 X_{i2} + \dots + a_p X_{ip} + \varepsilon_i, \quad i = 1, \dots, n$$

Où ε_i est l'erreur du modèle qui exprime, ou résume, l'information manquante dans l'explication linéaire des valeurs de Y_i à partir des X_{i1}, \dots, X_{ip}

A noter que si on utilise trop de variables, bien que le R^2 augmente le F aura tendance à diminuer. Les modèles avec un bon compromis entre R^2 et F sont dits valides.

L'obtention des variables utilisées dans la majeure partie des modèles nécessite un abattage ou un atelier de prise de vue latérale des individus. Suite à ces ateliers, des surfaces et volumes peuvent être calculés ultérieurement. Les modèles simplifiés ont l'avantage de n'être composés que de variables simples ou ne nécessitant que peu de manipulations et de calculs. L'objectif étant de pouvoir, sur le terrain, obtenir rapidement des résultats à partir de peu de mesures.

En 2010, Blonk et Al (Blonk et al. 2010) utilise pour la première fois la notion d'ellipticité dans ses modèles prédictifs afin de prédire le poids de la sole commune (*Solea solea*). Par la suite, en 2014, H. Komen et al (Komen, Blonk, et Sae-Lim 2014) reprend cette méthode pour cette fois ci étudier la forme de la truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*) pour en prédire son poids. Comprise entre 0 et 1, il existe trois ellipticités (notées E₁, E₂ et E₃) :

$$E_1 = (L - T)/(L + T) \quad E_2 = (H - T)/(H + T) \quad E_3 = (L - H)/(L + H)$$

Avec L = Longueur H = Hauteur T = Epaisseur

Une haute valeur de E₁ correspond à un individu étroit (allongé et maigre), une valeur élevée de E₂ un individu fin, une ellipse élevée correspond à un individu allongé pour E₃. Egalement en 2014, H.Komen et al introduit une nouvelle manière d'obtenir la surface des individus. La surface est alors calculée comme suit :

$$S = \Pi + \frac{1}{2}H + \frac{1}{2}L \quad \text{avec H = Hauteur et L = Longueur}$$

Dans ces modèles dits « simplifiés », deux nouvelles variables jusque-là non utilisés y sont intégrées : L'ellipticité (noté E_x) et la surface du poisson obtenue par calcul comme expliqué ci-dessus.

Pour récapituler les modèles suivants ont été utilisés:

- M1 = Meilleur modèles prédictifs, toutes données mélangées (2D + 3D)
- M2 = Second modèles obtenus avec l'ensemble des données (2D + 3D)
- M3 = Meilleur modèle 3D avec des volumes
- M4 = Meilleur volume 3D avec des surfaces
- M5 = Meilleur modèles à partir des données 2D possédant le même nombre de points remarquables que la 3D soit 16 points
- M6 = Modèles simples comprenant des variables rapides et faciles aussi bien à calculer qu'à mesurer directement sur l'individu

h) Comparaison de l'efficacité de prédiction entre la 2D et la 3D

Deux méthodes ont été utilisées pour la comparaison entre 2D et 3D. Dans la première méthode, la pertinence de l'analyse discriminante sur les individus extrêmes est analysée en comparant leur R² et les résultats de la validation croisée. Cette validation permet d'évaluer si le logiciel peut, de lui-même, discriminer les différents individus dans une population. Ceci permet d'estimer et de représenter le pourcentage des individus bien ou mal classés par les modèles 2D et 3D (par exemple classés morphologiquement à fort rendement alors qu'ils sont à faible rendement).

Dans cette première méthode la classification (haut ou bas rendement) est fournis au logiciel et seul 300 individus sont utilisés.

Dans la seconde méthode, la totalité des individus est utilisée. Les coordonnées (2D puis 3D) sont prises comme données principales et les résidus des rendements de découpe sont ajoutés, cette fois, en tant, que variables à expliquer. A l'aide du logiciel MorphoJ®, une

régression linéaire entre les coordonnées 2D et les résidus évalue une performance individuelle de rendement prédite à partir de la morphologie. Ensuite une corrélation entre les rendements vrais et estimés est réalisée. Le R^2 des modèles obtenus permet là encore de faire une comparaison entre la 2D et la 3D mais cette fois sur l'ensemble de la population. Seuls les résultats de la première méthode sont présentés dans le rapport, ceux de la première étant sous forme de plusieurs graphiques en annexe VI et VII.

i) Traitement génétique des données

Les paramètres génétiques estimés sont l'héritabilité (noté h^2) et les corrélations génétiques (noté r_g).

i.1 Estimation des paramètres génétiques des critères de performances

L'héritabilité (notée h^2) est une grandeur statistique estimant le degré d'influence probable des facteurs génétiques pour un phénotype donné dans une population donnée. (Marmion 2016). Cela correspond à la part de la variance génétique additive rapportée à la variance totale soit la part des facteurs génétiques sélectionnables dans la variation de l'expression d'un caractère phénotypique susceptible d'être transmis aux descendants.

La corrélation génétique (notée R_g) permet de mettre en évidence l'ampleur d'un lien génétique additif existant entre deux caractères donnés. Globalement cela montre si et comment un caractère impacterait (de manière positive ou négative) un second caractère en cas de sélection sur ce premier. Il y a donc corrélation génétique entre deux caractères lorsque l'un n'est pas statistiquement indépendant du second. (Minvielle 1990)

L'héritabilité et les corrélations génétiques sont les caractéristiques d'une population et d'un environnement de mesures. L'étude des corrélations génétiques/phénotypiques estime l'existence de liens entre les caractéristiques génétiques (le génotype) et les caractéristiques s'exprimant de façon apparentes (ex : le phénotype). (« Corrélation génotype/phénotype » 2014) Quoiqu'il en soit, l'intensité des corrélations génétiques est fondamentale pour le sélectionneur et conditionnera sa manière de choisir ses reproducteurs. (« Variabilité génétique et système de reproduction.pdf, Ph.Baradat » 2016)

Des définitions plus précises sont présentées en annexe VIII.

Les paramètres génétiques (h^2 et R_g) des performances collectées et des rendements ont été estimés par ajustement d'un modèle animal sous VCE 6 (un logiciel de calcul de paramètres génétiques, (« vce6-manual-3.1-A4.pdf » 2016)) après avoir présélectionné et normalisé sous le logiciel « koala » l'ensemble des caractères et effets voulu. Koala est un logiciel d'aide à la préparation des données, de traçabilité et d'archivage des traitements génétiques et de leurs résultats développé par le SYSAAF.

Les effets testés sont les suivants :

- Effet « maternel »
- Effet « sexe »
- Effet « cohorte »
- Effet « maturation sexuelle des mâles »
- Effet « animal »

Les estimations génétiques ont été réalisées suivant différentes étapes :

- Extraction des données de performances (poids, longueur, rendement etc.) et de généalogie de la base de données INFAQUA sous format texte (ex : NomDuFichier.txt). Ces fichiers sont créés par des programmes écrits en langage C++.
- Teste de significativité des effets sur les différentes performances sélectionnées

- Estimation des héritabilités sous VCE6 suivant un modèle mixte linéaire simple monocaractère
- Estimation des corrélations phénotypiques et génétiques entre les différents caractères (de mesure comme le poids ou la longueur ou les variables obtenues ultérieurement par calcul comme des mesures de longueur) suivant un modèle mixte linéaire bivarié sous VCE6
- Sauvegarde des fichiers de résultats sur le serveur du SYSAAF

L'évaluation des héritabilités a été faite à partir du modèle suivant :

$$Y_i = \mu + \text{effet(s) fixe(s)} + \text{effet(s) aléatoire(s)} + \text{effet(s) animal} + \text{résiduelle}$$

Où Y_i est la performance mesurée pour l'individu i et μ la moyenne des performances de la population pour le caractère concerné (considéré comme l'effet fixe moyen). L'effet animal correspond à la valeur génétiques des individus et la résiduelle à l'erreur du modèle. Les corrélations génétiques ont été estimées selon un modèle linéaire mixte bivarié.

i.2 Effets fixes et aléatoires

Il existe deux types d'effets : fixe ou aléatoire.

Un effet fixe est considéré comme constant et viendra simplement modifier la valeur de la moyenne μ de l'équation. Un effet aléatoire s'exercera sur la perturbation aléatoire de la performance individuelle.

(« La régression sur données de panel - panels.pdf » 2016)

i.2.1 Les effets aléatoires

Les effets aléatoires estimés sont au nombre de deux : l'effet mère (ou maternelle non génétique) et l'effet animal. L'effet animal ou individuel est systématiquement inclus dans le modèle car c'est l'effet que l'on cherche à estimer. L'effet mère est estimé non significatif pour toutes les données brutes et calculées, excepté pour le rendement en filet et les modèles 4 et 6 de la carcasse éviscérée étêtée.

L'existence d'un effet maternel non génétique a été testé selon le critère du maximum de vraisemblance (LL) en comparant le modèle le moins paramétré (M0) et le plus paramétré (M1) avec n_0 et n_1 le nombre de paramètres de chacun des modèles ($n_1 > n_0$). Chaque modèle M_i conduit au calcul d'une vraisemblance (noté L_i) dont le logarithme est noté LL_i . La quantité $Q = 2LL_{M1} - 2LL_{M0}$ suit une loi du χ^2 avec $n_1 - n_0$ degrés de liberté. Il faut donc calculer la valeur de la statistique de Q et la comparer à la valeur tabulée de la loi du χ^2 correspondante. Si la valeur de la statistique dépasse la valeur tabulée, alors cela signifie que le modèle M1 est significativement meilleur que M0 et que c'est ce modèle qu'il faut privilégier.

Pour ce projet, ce test est effectué à l'aide du logiciel VCE6 suivant des modèles linéaires mixtes univariés pour chacun des caractères.

i.2.2 Les effets fixes

Le contrôle des effets fixes permet d'estimer la présence ou l'absence de facteurs biaisant les données. En effet, la connaissance du protocole d'élevage et des prises de mesures ont notamment permis d'identifier des facteurs pouvant influencer les données, à savoir, par exemple, le sexe de l'animal (chez le bar les femelles sont plus grosses que les mâles) (Saillant

et al. 2001). Il est donc nécessaire de s'intéresser aux effets « sexe », « maturation sexuelle des mâles » et « cohorte ».

L'effet sexe a deux niveaux : mâle (notée 1) et femelle (notée 2). Il est significatif pour tous les caractères étudiés excepté pour six variables (poids de la rate, résidus log de la carcasse éviscérée étêtée, et les modèles de prédiction 1, 2, 4 et 5 de cette même variable)

L'effet maturation sexuelle des mâles ou laitance a également deux niveaux : laitieux et non laitieux. Il désigne l'état de maturité sexuel des individus mâles, c'est donc un effet « imbriqué » dans l'effet sexe puisqu'il dépend directement de ce dernier. Il n'influe pas sur l'écho 8 (épaisseur de la paroi musculaire abdominale à l'aplomb de la nageoire dorsale à la rupture de pente entre l'extrémité inférieure des arêtes ventrales et le muscle) et l'écho 23 (profondeur viscérale ne comprenant pas la moelle épinière intermédiaire) ainsi que sur les demies-hauteurs et les variables en rapport avec la carcasse éviscérée étêtée comme cité précédemment mais influe sur l'ensemble des autres caractères étudiés.

L'effet cohorte est un effet à un seul et unique niveau. Cet effet désigne les modifications que va subir le groupe, et qui peuvent potentiellement être une source de biais d'interprétations par rapport à d'autres cohortes. Il est, ici, inclus systématiquement afin d'avoir, au minimum, un effet fixe dans l'écriture du modèle mixtes linéaires, (le mixte étant pour « fixes et aléatoires) même si ce dernier n'est pas pour autant significatif puisqu'il n'y a qu'une seule cohorte. En effet, les individus proviennent d'une unique et même cohorte, l'ensemble des individus ont donc eu la même « histoire » de vie.

Le test du critère de vraisemblance n'est réellement valable que lorsqu'il existe une différence de degré de liberté entre les deux modèles testés (M0 et M1). Le degré de liberté désignant en statistique le nombre de valeurs aléatoires qui ne peuvent être déterminées ou fixées par une équation (notamment les équations des tests statistiques).

De ce fait, le critère de vraisemblance ne peut s'appliquer que pour l'effet maternel non génétique déclaré comme effet aléatoire. Dans le cas des effets fixes « sexe » et « maturation sexuelle des mâles » un test t de Student sur l'égalité des moyennes permet de résoudre ce problème. On ne test alors que la présence d'une différence significative sur le poids de l'individu par exemple en fonction du sexe, et sans la prise en compte d'un effet « animal ». Cela indique si l'effet est potentiellement significatif et si il est à inclure, ne serait-ce que par « défaut » dans les modèles

i.3 Estimation des gains génétiques potentiels

En génétique le gain potentiel est une estimation de l'augmentation ou de l'amélioration, (en unité de valeur génétique ou d'écart type génétique (UVG) ou bien en unité du caractère : gramme, millimètre etc), du caractère Y_i à la génération suivante si la sélection ce fait sur ce même caractère (c'est une sélection dite mono-caractère).

Le gain sur un caractère sélectionné (caractère ciblé) est estimé selon la formule :

$$G = h_x^2 * i * \sigma_x = h^2 * S$$

Ou h_x^2 désigne l'héritabilité du caractère sélectionné, i l'intensité de sélection, σ_x l'écart type phénotypique du caractère sélectionné et S le différentiel de sélection.

Il est également possible de simuler le gain obtenu sur un caractère au travers de la sélection d'un autre. On appelle ce gain la réponse corrélée sur un second caractère (la sélection se fait sur un caractère X ce qui impact le caractère cible Y).

Ce gain se calcule comme suit :

$$R_y = \sqrt{h_x^2} * i * r_g * \sqrt{h_y^2} * \sigma_y = h_x * i * r_g * h_y * \sigma_y$$

h_x représente la racine carrée de l'héritabilité du caractère X sélectionné et h_y celle sur lequel est estimée la réponse corrélée. L'intensité de la sélection sur le caractère X est représentée par i , la corrélation génétique entre les 2 caractères par r_g et l'écart type phénotypique du caractère Y par σ_y .

La variable i correspond à la valeur standard de la pression de sélection rapportée en écart type. La pression de sélection va par la suite représenter le pourcentage de la population choisie comme parents pour la génération suivante. Cela conditionne de ce fait la vitesse du progrès génétique car plus la moyenne des valeurs d'élevages (valeurs génétiques) des parents sélectionnés sera élevée, plus le potentiel génétique des descendants progressera rapidement. À noter, qu'une pression de sélection élevée reviendra à sélectionner, pour la reproduction, un petit nombre d'individus sur le lot considéré. Sur un lot de 100 individus, pour une pression de sélection de 80%, 80 individus sont gardés tandis qu'avec une pression de 10% seul 10 individus sont conservés.

À noter également que l'intensité de sélection des individus mâles peut-être relativement forte à effectifs de mâles et de femelles équivalents dans la mesure où il faut, par rapport aux femelles, moins de mâles reproducteurs dans un élevage où le recours à l'insémination artificielle est possible. Cette condition s'applique d'autant plus pour le bar puisque les sex-ratios sont souvent déséquilibrés en faveur des mâles. Pour les femelles, l'intensité de sélection est conditionnée par leur succès reproducteur. De plus l'intensité de sélection est souvent conditionnée par le maintien d'un seuil maximum de consanguinité.

Une autre méthode permet de simuler le gain potentiel en fonction de différents taux d'évolution de la consanguinité à la génération suivante à partir de l'estimation des valeurs génétiques. Pour cela le logiciel « Optichoix » a été utilisé. Ce logiciel conçu par le SYSAAF en collaboration avec l'INRA en 2013 est interfacé avec l'utilitaire commun de traitement des données « koala » et permet le choix des reproducteurs. Le programme écrit en FORTRAN 90 est une adaptation pour la sélection avicole et aquacole d'un autre programme qu'utilisait l'INRA.

À partir du nombre total d'individus d'une population, il est possible de paramétrer la pression de sélection (nombre de reproducteurs mâles et femelles conservés par rapport au nombre total de candidats à la sélection disponible), le taux d'évolution de l'apparement souhaité, et la pondération des caractères présents dans l'index de sélection. Par exemple, pour estimer la supériorité génétique (le gain) à la génération suivante sur le rendement carcasse, la pondération portera uniquement sur le rendement carcasse dans l'index de sélection. « Optichoix » fournit alors la liste des meilleurs reproducteurs à conserver. La connaissance de la valeur génétique moyenne des mâles et des femelles choisis permettra de calculer la valeur génétique moyenne de leurs descendants et donc d'avoir accès à la supériorité génétique de la génération suivante sur le caractère considéré.

La valeur génétique des descendants se calcule comme suit :

$$VG_{\text{descendants}} = \frac{VG_{\text{moyenne des mâles}} + VG_{\text{moyennes des femelles}}}{2}$$

Ici seule une pression de 30% sera appliquée pour cette méthode.

Une pression de sélection supérieure n'est pas envisageable dans ce cas puisque le calcul de gain se fait à partir des rendements réels sur des animaux euthanasiés et découpés. En effet, les candidats sélectionnés possèdent une valeur génétique « moyenne » puisqu'il s'agit de sélection sur les collatéraux d'une cohorte/famille.

De plus différents taux de consanguinité sont également testés. Les estimations de gains se font ainsi en fonction d'un taux de consanguinité de 0, 0.5 et 1% par génération.

L'objectif de cette opération est d'obtenir les meilleurs reproducteurs possibles, en fonction du caractère sélectionné, et de comparer les gains théoriques qui peuvent être obtenus en fonction du taux de consanguinité appliqué lors de la reproduction.

Le taux de consanguinité va avoir un impact direct sur les performances et la variabilité des individus :

- Un taux de consanguinité de 0% maximise le gain tout en optimisant la variation génétique, ceci, potentiellement au détriment du progrès de la performance. Minimiser la consanguinité permet de conserver un taux de variabilité génétique plus élevé.
- Au contraire un choix de sélection à partir d'un taux de consanguinité de 1% va privilégier le progrès de la performance à la conservation de la variabilité. Cela correspond à une augmentation de 1% d'apparement entre individus de la prochaine génération. Cela est considéré comme le seuil maximum de consanguinité acceptable internationalement. Au-delà, des risques de pertes de performance sont possibles sur le moyen terme.

i.4 Les différentes méthodes de sélections

L'intensité de sélection « i » est liée à la pression de sélection qui se choisit en fonction du type de sélection voulu : massale ou familiale. Un tableau des différentes intensités de sélection est présent en annexe IX.

Lors d'une sélection massale les individus sélectionnés sont choisis en fonction de leurs propres performances sur un ou plusieurs caractères. C'est la méthode de sélection la plus simple à mettre en œuvre. Cependant elle possède certains inconvénients l'empêchant de s'appliquer dans toutes les situations :

- Lorsque le caractère concerné ne s'extériorise pas chez les candidats à la sélection ; c'est le cas des caractères ne s'exprimant que dans un seul sexe.

- Lorsque la mesure du caractère nécessite l'abattage de l'animal, comme les caractéristiques de carcasse et de qualité de viande, ce qui met un terme à la carrière de reproducteur de l'animal avant même le début de celle-ci.

- Lorsque des individus destinés initialement à devenir reproducteurs sont mis en contact avec un pathogène d'une maladie officiellement contagieuse. Même si ces derniers y sont résistants, ils doivent être euthanasiés et ne peuvent sanitaire pas être utilisés comme reproducteurs.

(« Sélection massale : avantages et inconvénients 2 » 2016)

Lors d'une sélection familiale généalogique sur-apparentée, on utilise comme reproducteurs tous les animaux qui ont les meilleures performances moyennes dans un groupe de « frères et sœurs » (« Les différentes méthodes de sélection - allice » 2016). La sélection généalogique consiste à retenir, tout ou une partie des meilleures descendances en identifiant les filiations correspondantes dans une population ou à partir d'un croisement, de génération en génération. (« Journal officiel de la République française - N° 112 du 13 mai 2012 - g10516.pdf » 2016)

Généralement pour une sélection massale une pression de 1 à 10% est appliqué tandis qu'une pression plus faible (30-40%) est appliquée pour une sélection généalogique. Ceci car tous les candidats frère-sœurs ont la même valeur génétique familiale pour un caractère mesuré sur apparenté, la pression se résumant alors en une pression familiale fonction du nombre de familles. Cependant, par rapport à une sélection généalogique classique impliquant un élevage initial séparé des familles, la procédure de sélection massale présente l'avantage d'un investissement et un coût de fonctionnement de l'ordre de 20 fois moins élevé pour un gain similaire ou supérieur (+10 à 15 % de poids / génération). (Compte rendu annuel 2012 du SYSAAF, 2012)

Les pressions de sélection utilisées dans les simulations de gains théoriques de ce rapport sont de 30 et 10% pour la sélection massale et de 30% divisé par deux pour la sélection familiale sur apparentée. En effet, il est nécessaire de divisé par deux les résultats dans ce cas, car le calcul du gain pour les rendements se fait à partir de collatéraux. Les individus sur lesquels les calculs ont été effectués ont dû être abattus et ne peuvent donc plus être utilisés en tant que reproducteurs. Seuls des pleins frères (ayant les deux parents en commun) peuvent être choisis pour la reproduction. La division permet de prendre ainsi en compte l'aléa de méiose qui a lieu lors de la reproduction.

II) Résultats

a) Résultats des assignations de parenté

Le taux d'assignation des individus à un couple unique de parent est de 94.20% sur 1499 échantillons génotypés.

Tableau I : Efficacité des assignations de parenté

	Assignés à un couple	Assignés à plusieurs couples/parents	Non compatibles	non exploitables	Assignés hors plan fécondation proposé
Nombre	1412	29	47	11	76
%	94,20	1,93	3,14	0,73	5.07

La présence d'individus assignés a plusieurs couples (ou poly-assignés) signifie que les marqueurs qui ont été utilisés n'étaient pas suffisamment puissants.

Dans le cas d'individus assignés hors plan, cela signifie qu'un individu se retrouve assigné à un couple auquel il ne devrait pas être. Il est possible qu'il y ait eu une erreur de manipulation lors de la fécondation.

b) Performances phénotypiques

Les performances phénotypiques sont présentées dans les tableaux II.

Tableau II : Présentation des performances obtenues lors du chantier de découpe

	Moyenne	Minimum	Maximum	CV (%)	Effectif
Poids (g)	285,7 ($\pm 68,7$)	80,0	622,0	24,0	1488
Longueur (mm)	278,2 ($\pm 20,6$)	183,3	340,2	7,4	1495
K (coefficient de condition)	1,3 ($\pm 0,1$)	1,0	1,7	7,3	1487
Rtête (%)*	17,4 ($\pm 1,7$)	13,3	40,3	9,8	1488
Rcarc (%)	87,3 ($\pm 1,7$)	80,4	92,7	2,0	1403
Rcarc étêt (%)	69,9 ($\pm 1,3$)	63,3	74,4	1,8	1403
Rfilet (%)	34,7 ($\pm 3,0$)	26,5	48,7	8,7	1403

*R = rendement

Ces performances phénotypiques ont été calculées à partir des données brutes considérées comme valides ce qui explique les différences d'effectif.

Les individus ont été abattus à un poids moyen de 285,7g, le plus petit poisson pesant 80g et le plus gros 622g. Il existe donc une grande disparité de poids des individus avec un coefficient de variation (CV) de 24%. Le rendement en carcasse (87.3%) est le rendement ayant la moyenne la plus élevée tandis que le rendement en tête (17,4%) est celui ayant la plus faible moyenne, les deux autres moyennes de rendements sont intermédiaires (respectivement 69.9 et 34.7% pour le rendement en carcasse éviscérée étêtée et le rendement filet).

La variation de la longueur est moins importante. La moyenne de la longueur est 278,2 mm et le CV de 7,4. Le plus petit individu mesurait 183,3mm et le plus grand 340,2mm.

Tableau III : Présentation des performances des variables brutes obtenues pour les mesures échographiques.

	Minimum	Maximum	Moyenne	CV (%)	Effectif
Echo2	7,3	17,7	13,3 ($\pm 1,5$)	11,2	1478
Echo4	10,7	22,2	17,1 ($\pm 1,7$)	9,9	1478
Echo5	9,8	21,4	16,5 ($\pm 1,6$)	10,0	1478
Echo6	8,3	20,3	15,2 ($\pm 1,6$)	10,7	1478
Echo8	3,1	14,8	8,8 ($\pm 1,5$)	16,9	1478
Echo9	3,3	14,3	8,5 ($\pm 1,2$)	14,3	1478
Echo23	21	51,9	37,3 ($\pm 4,2$)	11,2	1478

Ici les effectifs sont égaux quel que soit l'échographie afin de simplifier le traitement des données, tout individu présentant une quelconque donnée aberrante ou absente a été enlevé.

La sex-ratio est déséquilibrée en faveur des mâles avec 904 mâles pour 595 femelles.

c) Prédicteurs externes de rendements 2D

Seule des conformations vues de profil sont présentées ci-dessous.

c.1 Morphotype prédicteur du rendement tête 2D

De fortes différences morphologiques sont observées entre les deux lots extrêmes au niveau de la tête.

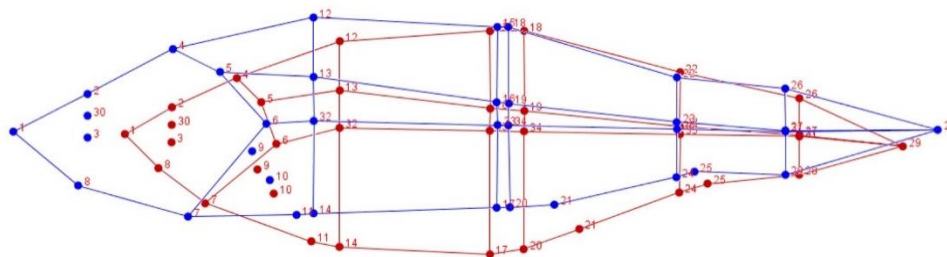


Figure VII : Conformation vue de profil type des lots d'individus extrêmes en rendement tête élevé (bleu) et rendement tête faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ.

Les bars présentant un rendement en tête élevé auront une tête plus allongée et peu de ventre.

Tableau IV : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement tête 2D et résultat statistique de l'analyse discriminante pour le rendement tête 2D (MorphoJ)

Groupe	Groupe 1	Groupe 2	Total	%d'erreur
Groupe 1 (bas)	143	7	150	4,6
Groupe 2 (haut)	8	142	150	5,33
P-value (paramétrique)			<.0001	

Les résultats statistiques montrent que les différences morphométriques sont significatives et ce pour l'ensemble des différents morphotypes présentés dans ce rapport.

c.2 Morphotype prédicteur du rendement de filetage 2D

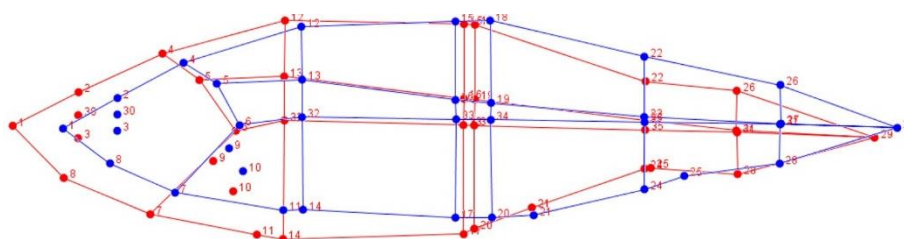


Figure VIII : Conformation vue de profil type des lots d'individus extrêmes en rendement filet élevé (bleu) et rendement filet faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ.

Les différences observées entre les deux rendements extrêmes en filet sont moins importants que pour le rendement en tête. Cependant, les bars présentant un fort rendement de filetage se caractérisent par une plus petite tête. Globalement les poissons ont une forme plus oblongue et sont de manière générale plus homogène entre l'avant et l'arrière.

Tableau V : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement filet 2D et résultat statistique de l'analyse discriminante pour le rendement filet 2D (MorphoJ)

Groupe	Groupe 1	Groupe 2	Total	%d'erreur
Groupe 1 (bas)	112	38	150	25,33
Groupe 2 (haut)	34	116	150	22,66
P-value (paramétrique)			<.0001	

c.3 Morphotype prédicteur du rendement en carcasse 2D

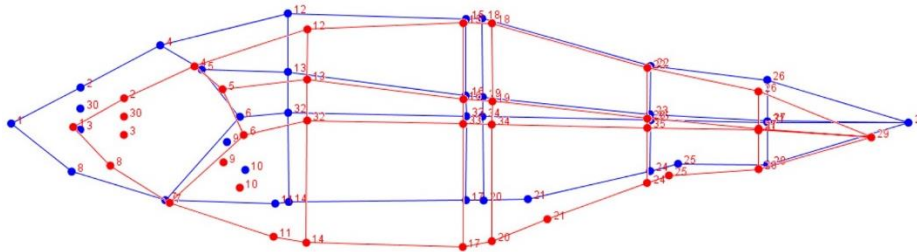


Figure IX : Conformation vue de profil type des lots d'individus extrêmes en rendement carcasse élevé (bleu) et rendement carcasse faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ.

Le fort rendement en carcasse semble corrélé positivement avec le rendement en tête puisque les bars présentant un haut rendement en carcasse se caractérisent ici presque de la même manière que ceux ayant un haut rendement tête soit une grosse tête et un ventre plat.

Tableau VI : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement carcasse 2D et résultat statistique de l'analyse discriminante pour le rendement carcasse 2D (MorphoJ)

Groupe	Groupe 1	Groupe 2	Total	%d'erreur
Groupe 1 (bas)	131	19	150	12,66
Groupe 2 (haut)	16	134	150	10,66
P-value (paramétrique)			<.0001	

c.4 Morphotype prédicteur du rendement en carcasse étêtée 2D

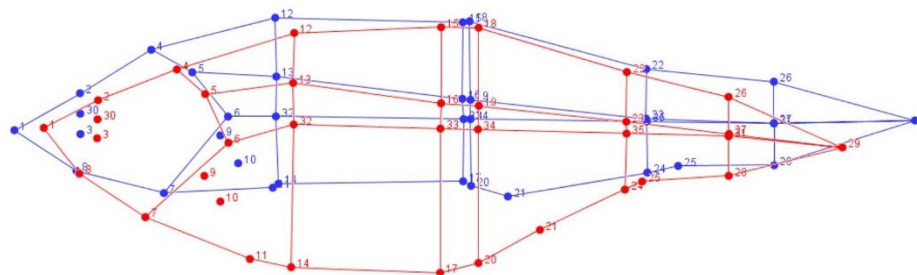


Figure X : Conformation vue de profil type des lots d'individus extrêmes en rendement carcasse étêtée élevé (bleu) et rendement carcasse étêtée faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ.

Les bars présentant de haut rendement de carcasse étêtée possèdent un ventre très peu développé.

Tableau VII : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement carcasse étêtée 2D et résultat statistique de l'analyse discriminante pour le rendement carcasse étêtée 2D (MorphoJ)

Groupe	Groupe 1	Groupe 2	Total	%d'erreur
Groupe 1 (bas)	114	36	150	17,33
Groupe 2 (haut)	33	117	150	22
P-value (paramétrique)			<.0001	

d) Prédicteurs externes de rendements 3D

Ici seules les conformations vues de dessus seront montrées. La conformation vue de profil ressemble beaucoup à celle obtenue avec la méthode 2D et celle vue de face est trop difficile à représenter dans l'espace. Les individus sont présentés avec la tête à gauche et la caudale à droite.

Il est également important de remarquer que contrairement à la méthode 2D seuls 16 points remarquables ont servi pour ces représentations.

Ainsi comme précédemment les résultats obtenus pour chaque rendement sont montrés et explicités ci-dessous.

d.1 Morphotype prédicteur du rendement en tête 3D

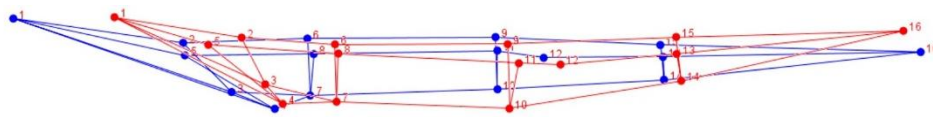


Figure XI : Conformation vue de dessus type des lots d'individus extrêmes en rendement tête élevé (bleu) et rendement tête faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ

Les individus à haut rendement en tête possèdent un corps moins épais que ceux ayant un rendement en tête plus faible.

Tableau VIII : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement tête 3D et résultats statistiques de l'analyse discriminante pour le rendement tête 3D (MorphoJ)

Groupe	Groupe 1	Groupe 2	Total	%d'erreur
Groupe 1 (bas)	146	4	150	2,66
Groupe 2 (haut)	4	146	150	2,66
P-value (paramétrique)			<.0001	

d.2 Morphotype prédicteur du rendement en filet 3D

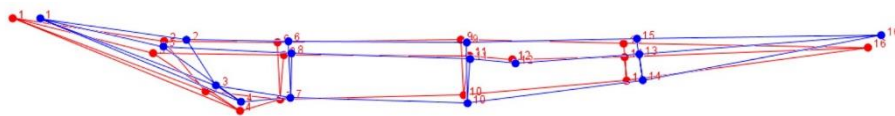


Figure XII : Conformation vue de dessus type des lots d'individus extrêmes en rendement filet élevé (bleu) et rendement filet faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ

Les individus ayant un bon rendement filet possèdent une tête peu épaisse mais une caudale plus épaisse que ceux ayant un faible rendement.

Tableau IX : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement filet 3D et résultats statistiques de l'analyse discriminante pour le rendement filet 3D (MorphoJ)

Groupe	Groupe 1	Groupe 2	Total	%d'erreur
Groupe 1 (bas)	117	33	150	22
Groupe 2 (haut)	27	123	150	18
P-value (paramétrique)			<.0001	

d.3 Morphotype prédicteur du rendement en carcasse 3D

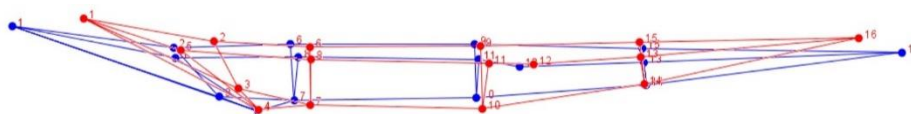


Figure XIII : Conformation vue de dessus type des lots d'individus extrêmes en rendement carcasse élevé (bleu) et rendement carcasse faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ

Les caractéristiques constatées sur les bars à haut rendement carcasse sont un corps moyennement épais ainsi qu'une plus grosse tête.

Tableau X : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement carcasse 3D et résultats statistiques de l'analyse discriminante pour le rendement carcasse 3D (MorphoJ)

Groupe	Groupe 1	Groupe 2	Total	%d'erreur
Groupe 1 (bas)	135	15	150	10
Groupe 2 (haut)	12	138	150	8
P-value (paramétrique)			<.0001	

d.4 Morphotype prédicteur du rendement en carcasse étêtée 3D

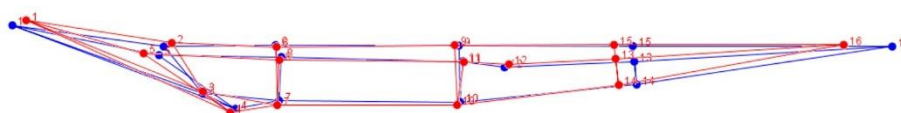


Figure XIV : Conformation vue de dessus type des lots d'individus extrêmes en rendement carcasse étêtée élevé (bleu) et rendement carcasse étêtée faible (rouge) (n=150 par lot). Figure obtenue sous MorphoJ

Pour finir, il ne se semble pas y avoir de différence d'épaisseur pour les animaux à haut ou bas rendement en carcasse étêtée.

Tableau XI : Efficacité de la réaffectation des catégories de rendements avec le logiciel MorphoJ pour le rendement carcasse étêtée 3D et résultats statistiques de l'analyse discriminante pour le rendement carcasse étêtée 3D (MorphoJ)

Groupe	Groupe 1	Groupe 2	Total	%d'erreur
Groupe 1 (bas)	111	39	150	26
Groupe 2 (haut)	28	122	150	18,66
P-value (paramétrique)			<.0001	

e) Comparaison de la qualité de la prédiction des deux méthodes (2D et 3D) utilisées

L'objectif de cette étape est de déterminer quelle méthode a été la plus prédictive, et ce pour chaque rendement étudié, afin d'améliorer pour de prochaines études la sélection des points remarquables. Le but est de faciliter et d'optimiser les manipulations futures.

Pour cela les coefficients de régression de chaque méthode sont présentés dans le tableau XII :

Tableau XII : Coefficient de corrélation (R^2) des méthodes 2D et 3D pour les différents rendements cibles

Rdt Tête	R^2	
	2D	3D
	34 %	44 %

Rdt Filet	4,1 %	13 %
Rdt Carcasse	28 %	33 %
Rdt Carcasse éviscérée	12,5 %	13 %

Quel que soit le rendement, la méthode 3D est la plus prédictive (44% contre 34% pour le rendement tête, 13 contre 4.1% pour le rendement filet etc.). Un écart de prédiction très faible est cependant à noter pour certains rendements (13% contre 12.5% pour le rendement carcasse éviscérée éviscérée et 33% contre 28% pour le rendement carcasse). Le plus faible écart de pourcentage de prédiction est de 0,5% pour le rendement en carcasse éviscérée alors que l'écart le plus élevé est de 10% pour le rendement en tête.

f) Modèles de prédiction

f.1) Meilleurs modèles prédictifs obtenus (comprenant des données 2D et 3D)

Les modèles qui suivent sont composés de variables 2D et 3D. Aucune distinction n'a été faite entre ces différentes données.

Le libellé de l'ensemble des variables utilisées dans les modèles est également disponible en annexe X.

Pour plus de clarté, seuls les meilleurs modèles sont présentés ci-dessous. Les autres modèles sont présents en annexe XI à XV.

f.1.1 Modèle prédictif des résidus en tête

	Variables retenues	Description
X1	L7/Pv	Longueur du filet pondéré par le poids vif
X2	V1/Pv	Volume du ventre pondéré par le poids vif
X3	At/Pv	Aire de la tête pondérée par le poids vif
X4	V2/Pv	Volume de la tête pondéré par le poids vif
X5	L4/L3	Rapport de longueur de l'avant du poisson
X6	K	Coefficient de condition
X7	At/Atot	Air de la tête pondérée par l'air totale
Modèle de régression R ² =62.56% F=332.5 ε=0.02		
Résidus en tête = (-0,11207316) + X1 *(-2,47465119) + X2 *(-0,00055102) + X3 *2,61928943 + X4 *0,00179499 + X5 *0,04360871 + X6 *(-0,00010255) + X7 *1,20348957		

f.1.2 Modèle prédictif des résidus en filet

	Variables retenues	Description
X1	V1/Pv	Volume du ventre pondéré par le poids vif
X2	V3/Pv	Volume du dos pondéré par le poids vif
X3	At/Pv	Aire de la tête pondérée par le poids vif
X4	Périmètre dos	Périmètre du dos
X5	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X6	At/Atot	Aire de la tête pondérée par l'air totale
X7	Av/Atot	Aire ventral pondéré par l'air total
X8	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
X9	L7/Ltot	Longueur de filet pondéré par la longueur à la fourche
Modèle de régression R ² = 13.91% F= 24.96 ε= 0.01		
Résidus filet = 0,09511179 + X1 *0,00022906 + X2 *0,00041671 + X3 *(-1,84165171) + X4 *(-0,0007881) + X5 *0,02415262 + X6 *0,63246707 + X7 *(-0,16340779) + X8 *(-0,22099363) + X9 *0,77134559		

f.1.3 Modèle prédictif des résidus en carcasse

	Variables retenues	Description
X1	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X2	Av/Atot	Air ventral pondéré par l'air total

X3	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
X4	V2/Pv	Volume de la tête pondérée le poids vif
X5	K	Coefficient de condition
X6	L8/Ltot	Longueur de la tête sur la longueur à la fourche
Modèle de régression R ² =38.02% F=142.5 ε=0.01		
Résidus carcasse = - 0,00114853 + X1 *0,01733829 + X2 *(-0,08659956) + X3 *0,22036076 + X4 *0,00026026 + X5 *(-3,5405E-05) + X6 *0,15105264		

f.1.4 Modèle prédictif des résidus en carcasse étêtée

	Variables retenues	Description
X1	H9/H4	Rapport de hauteur ventrale
X2	Ht/H2	Hauteur de la tête pondérée par hauteur à la première nageoire dorsale
X3	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X4	At/Atot	Aire de la tête sur aire totale
X5	K	Coefficient de condition
X6	Av/Atot	Air ventral pondéré par l'air total
X7	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
Modèle de régression R ² =17.15% F= 41.2 ε=0.01		
Résidus carcasse étêtée = 0,00614002 + X1 *0,04324192 + X2 *0,16630418 + X3 *0,02404549 + X4 *(-0,23585505) + X5 *3,4549E-05 + X6 *(-0,11007357) + X7 *(-0,64833228)		

f.2) Les autres modèles prédictifs

Dans un souci de clarté, seul les coefficients de corrélation des modèles suivant : second meilleur modèle, 3D volumes, 3D surfaces, 2D 16 points et simplifié sont présentés dans le tableau XIII, la description complète des modèles se trouvant en annexe.

Tableau XIII : Coefficient de corrélation (R²) de l'ensemble des modèles de prédiction

R ²	Tête	Filet	Carcasse	Cee
Meilleur modèle (M1)	0.63	0.14	0.38	0.17
Second meilleur modèle (M2)	0.63	0.14	0.37	0.17
3D volume (M3)	0.43	0.08	0.38	0.11
3D surface (M4)	0.61	0.11	0.39	0.11
2D 16 points (M5)	0.60	0.11	0.38	0.18
Simplifiés (M6)	0.32	0.05	0.45	0.14

Les modèles M3 correspondent à des modèles obtenues uniquement à partir de coordonnées 3D saisies avec le bras 3D Microscribe®. Les distances ont donc été recalculées et les aires présentes dans les précédents modèles ont été converties en volume. Certaines données ne peuvent pas être utilisées dans ces modèles car les points remarquables ne sont pas les mêmes ou n'ont pas été utilisés (16 points remarquables en 3D contre 29 en 2D).

Pour les modèles M4, tout comme pour les modèles M3, l'ensemble des variables (longueur, hauteur, surface) ont été obtenues à partir des données 3D. Les variables en volumes dans les précédents modèles ont été converties en surfaces. Comme précédemment certaines données ne peuvent pas être utilisées dans ces modèles car les points remarquables ne sont pas les mêmes que dans les modèles utilisant des données 2D.

Les M5 ont été créés afin de pouvoir évaluer l'impact du nombre de points sur la prédiction des modèles. L'idée est de pouvoir par la suite diminuer le nombre de points

remarquables nécessaires dans les prochaines études. Ceci permettrait d'alléger le travail et de l'effectuer plus rapidement. L'ensemble des variables utilisées sont donc obtenues à partir des images 2D. Seuls les points remarquables communs à la méthode 2D et 3D sont utilisés.

Enfin, l'obtention et la création des modèles dit « simplifiés » proviennent de la réflexion suivante : Peut-on dégrader un modèle (lui enlever des variables ou en intégrer de plus « simples ») tout en gardant un modèle prédictif permettant des gains suffisants ?

A noter que le modèle simplifié (M6) présente pour le modèle carcasse des résultats supérieurs à ceux présentés dans le « best modèle » M1. Cela s'explique par le fait que les modèles M6 ont été constitués bien après la construction des premiers modèles. Les notions d'ellipticités n'avaient alors pas été prises en compte lors des précédents modèles.

f.3) La composition et les statistiques des modèles

Certaines variables se retrouvent quasi systématiquement dans les modèles. C'est le cas des variables E8/E23, K, Ht/Ltot et At/Pv. Les rapports de volumes les plus récurrents sont V1/Pv et V2/Pv.

Dans les modèles M6, les ellipticités sont très présentes excepté pour le modèle M6 prédictifs du rendement en carcasse éviscérée étêtée.

Quel que soit le type de modèle, les modèles prédictifs du rendement tête sont les plus prédictifs, ceux du filet les moins prédictifs (voir tableau XIII).

g) Héritabilités et corrélations génétiques

L'ensemble des héritabilités et corrélations génétiques obtenues sont présentées dans les parties ci-dessous.

g.1) Paramètres génétiques des caractères de production

Le premier graphique (figure XV) présente les héritabilités des variables brutes (longueur et poids) et des rendements cibles.

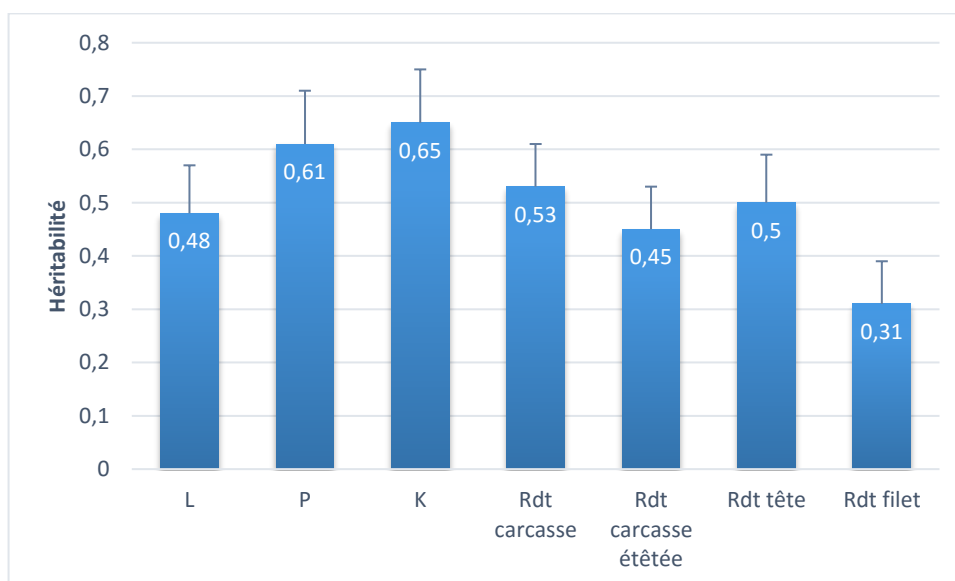


Figure XV : Héritabilités (\pm SE) de la longueur à la fourche, du poids et des rendements de découpe; L = Longueur, P = Poids, K= Coefficient de condition, Rdt = Rendement

Les héritabilités du poids et de la longueur sont fortes (0.48-0.61). Celle du coefficient de condition est la plus élevée (0.65). Les héritabilités du rendement carcasse, carcasse étêtée et tête sont également du même ordre de grandeur (>0.4) et sont donc considérées comme fortes. Le rendement de filetage a lui une héritabilité intermédiaire.

Le tableau XIV présente les corrélations génétiques et phénotypiques. Les données en diagonales représentent les héritabilités des variables. Les données au-dessus de la diagonale, les corrélations génétiques et les données en dessous de la diagonale, les corrélations phénotypiques (\pm erreur standard).

Tableau XIV : Héritabilités (\pm SE), corrélations génétiques (\pm SE) et phénotypiques des variables brutes et des différents rendements

caractère	L	P	K	Rcarcasse	Rcee	Rtête	Rfilet
L	0,48(\pm 0,09)	0,94 (\pm 0,02)	0,39(\pm 0,14)	-0,30(\pm 0,14)	0,16(\pm 0,15)	-0,49(\pm 0,13)	0,12(\pm 0,18)
P	0,93	0,61(\pm 0,1)	0,68(\pm 0,09)	-0,46(\pm 0,12)	0,14(\pm 0,12)	-0,65(\pm 0,11)	0,25(\pm 0,17)
K	0,2	0,51	0,65(\pm 0,1)	-0,65(\pm 0,09)	0,01(\pm 0,16)	-0,72(\pm 0,09)	0,39(\pm 0,15)
Rcarcasse	-0,25	-0,4	-0,58	0,53(\pm 0,08)	0,55(\pm 0,11)	0,62(\pm 0,09)	0,23(\pm 0,15)
Rcee	0,16	0,12	-0,02	0,49	0,45(\pm 0,08)	-0,32(\pm 0,14)	0,93(\pm 0,04)
Rtête	-0,41	-0,54	-0,59	0,59	-0,39	0,50(\pm 0,09)	0,59(\pm 0,11)
Rfilet	0,23	0,25	0,19	0,11	0,68	-0,5	0,31(\pm 0,08)

*R = Rendement

Le poids est plus fortement corrélé avec la longueur qu'avec le coefficient de condition. Les sujets les plus lourds ne sont pas forcément les plus trapus. Le poids est négativement corrélé avec le rendement en tête et le rendement carcasse. Il est corrélé positivement avec le rendement carcasse étêtée et le rendement filet mais plus faiblement.

Le rendement en tête est négativement corrélé avec le poids, la longueur, le coefficient de condition et le rendement à l'éviscération et à l'étêtage (-0.32 à -0.72).

Le rendement carcasse étêtée est faiblement corrélé avec la longueur et le poids (0.16 et 0.14).

Le rendement de filetage est quant à lui fortement corrélé avec le rendement éviscération étêtage (0.93) et le rendement en tête (0.59).

g.2) Paramètres génétiques des mesures échographiques

Les paramètres génétiques des mesures échographiques sont présentés dans le paragraphe suivant.

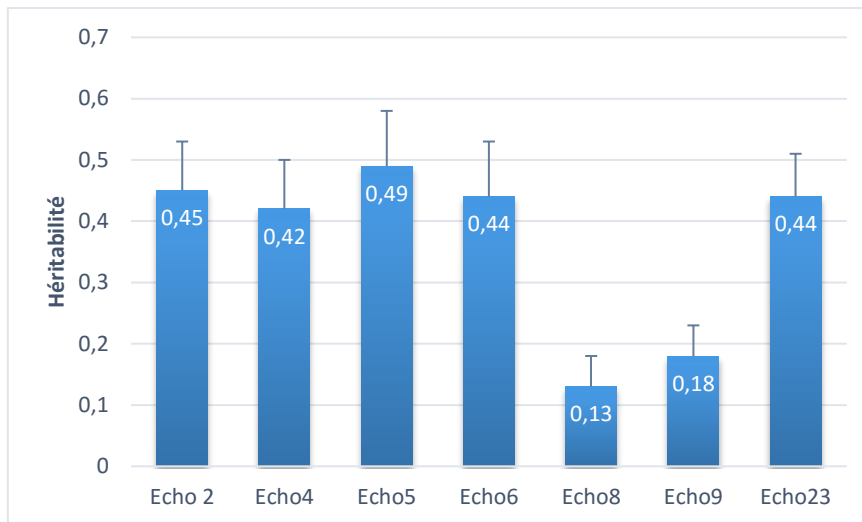


Figure XVI : Héritabilité des mesures échographiques

Les héritabilités concernant l'épaisseur du poisson mesurée au niveau du milieu du dos (Echo 2), sur la ligne latérale (Echo 4 et 5), de l'épaisseur musculaire abdominale (Echo 6) et la profondeur viscérale (Echo 23) présentent des valeurs assez élevées (>0.4). En revanche les héritabilités de l'épaisseur de la paroi musculaire abdominale (Echo 8) et ventrale au niveau de la nageoire anale sont plus faibles (0.13 et 0.18).

Les corrélations avec le poids sont toutes très élevées (>0.90). Les corrélations avec la longueur sont légèrement plus faibles mais reste élevées (il en va de même avec le K qui est compris entre 0.70 et 0.80).

L'ensemble des mesures échographiques sont corrélées positivement entre elles et de manière assez élevées. La corrélation génétique très forte entre Echo 4 et 5, Echo 4 et 6 ainsi qu'entre Echo 4 et 23 traduit que les poissons les plus épais derrière la tête le sont aussi à l'épaisseur intermédiaire et au niveau abdominal. Ce sont également les individus ayant une grande profondeur viscérale.

Le rendement tête est fortement corrélé négativement (-0.32 à -0.85) avec l'ensemble des échographies, excepté pour Echo 23 (0.66). Cela signifie qu'un individu à fort rendement en tête aura une profondeur viscérale plus importante. Un poisson qui présente des mesures échographiques importantes aura également une petite tête contrairement à des individus moins épais.

Le rendement carcasse est également fortement corrélé négativement avec l'ensemble des échographies. Un individu présentant des échographies importantes aura donc non seulement une petite tête mais également un rendement carcasse plus faible (une carcasse plus petite et/ou plus de viscères).

Le rendement carcasse étêtée éviscérée est faiblement corrélé avec l'ensemble des mesures échographiques. Ce rendement est donc fortement lié à l'épaisseur musculaire abdominale.

A noter que les résultats échographiques sont fortement liés au poids de l'individu. Par exemple, un poisson plus gros aura un rendement en tête plus petit et des mesures échographiques plus importantes.

Tableau XV : Corrélations génétiques au-dessus de la diagonale ($\pm SE$) et héritabilités sur la diagonale ($\pm SE$) des résidus de rendement ; carc = carcasse, cee = carcasse éviscérée étêtée

	Résidus tête	Résidus filet	Résidus carc	Résidus cee
Résidus tête	0,35($\pm 0,08$)	-0,45($\pm 0,15$)	0,52($\pm 0,12$)	-0,11($\pm 0,18$)
Résidus filet	-0,28	0,28($\pm 0,07$)	0,4($\pm 0,15$)	0,79($\pm 0,09$)
Résidus carc	0,46	0,27	0,48($\pm 0,08$)	0,78($\pm 0,07$)
Résidus cee	-0,37	0,55	0,65	0,37($\pm 0,07$)

Tableau XVI : Corrélations génétiques au-dessus de la diagonale ($\pm SE$) et héritabilités sur la diagonale ($\pm SE$) des rendements ; Rdt = rendement

	Rdtête	Rdtfilet	Rdtcarcasse	Rdtcee
Rdtête	0,5($\pm 0,09$)	0,59($\pm 0,11$)	0,62($\pm 0,09$)	0,55($\pm 0,11$)
Rdtfilet	-0,5	0,31($\pm 0,08$)	0,23($\pm 0,15$)	0,93($\pm 0,04$)
Rdtcarcasse	0,59	0,11	0,53($\pm 0,08$)	0,55($\pm 0,11$)
Rdtcee	-0,39	0,68	0,49	0,45($\pm 0,08$)

Tableau XVIII : Corrélations génétiques ($\pm SE$) entre les résidus et les rendements

	Rdtête	Rdtfilet	Rdtcarcasse	Rdtcee
Résidus tête	0,92($\pm 0,02$)	0,59($\pm 0,1$)	0,6($\pm 0,1$)	0,41($\pm 0,15$)
Résidus filet	0,72($\pm 0,08$)	0,95($\pm 0,02$)	-0,21($\pm 0,17$)	0,87($\pm 0,05$)
Résidus carc	0,46($\pm 0,12$)	-0,15($\pm 0,16$)	0,89($\pm 0,04$)	-0,38($\pm 0,06$)
Résidus cee	0,36($\pm 0,16$)	0,78($\pm 0,08$)	-0,52($\pm 0,13$)	0,99($\pm 0,02$)

Tableau XVII : Héritabilités ($\pm SE$) des rendements, des résidus et corrélations génétiques ($\pm SE$) entre rendement et résidus des différentes parties cibles

	h ² rendement	h ² résidus	Rg
Tête	0,5($\pm 0,09$)	0,45($\pm 0,08$)	0,92($\pm 0,02$)
filet	0,31($\pm 0,08$)	0,28($\pm 0,07$)	0,95($\pm 0,02$)
carcasse	0,53($\pm 0,08$)	0,48($\pm 0,08$)	0,89($\pm 0,04$)
Cee	0,45($\pm 0,08$)	0,37($\pm 0,07$)	0,99($\pm 0,02$)

g.3) Paramètres génétiques des résidus du poids des parties cibles et des rendements cibles

L'ensemble des corrélations génétiques et phénotypiques des résidus et des rendements cibles sont présentées dans les tableaux XV, XVI et XVIII. Un récapitulatif de ces données est présent dans le tableau XVII, plus de détails sont disponibles en annexe XVI.

Les résidus sont fortement corrélés avec le rendement qui leur est associé (par exemple les résidus du rendement tête sont fortement corrélés positivement avec le rendement tête : 0.92)

Les héritabilités des rendements et des résidus sont modérées à élevées. Les valeurs des héritabilités des rendements sont systématiquement supérieures à celle des résidus mais l'écart reste faible (exemple : 0.5 pour le rendement tête contre 0.35 pour les résidus). Globalement le filet est la partie présentant les valeurs d'héritabilités les plus faibles.

Le rendement en filet et ses résidus sont fortement corrélés avec le rendement et les résidus en carcasse éviscérée étêtée (0.93). De la même manière, les résidus de ces deux parties sont fortement corrélés entre eux (0.78)

g.4) Héritabilité des prédicteurs de rendements de découpe

Le graphique XVII présente les héritabilités des différents modèles obtenus pour prédire chaque résidu logarithmique des rendements cibles. Un tableau récapitulatif de ces valeurs est disponible en annexe XVII.

Les modèles sont numérotés de M1 à M6 et correspondent chacun à une catégorie de modèles pour une partie/résidus donnée.

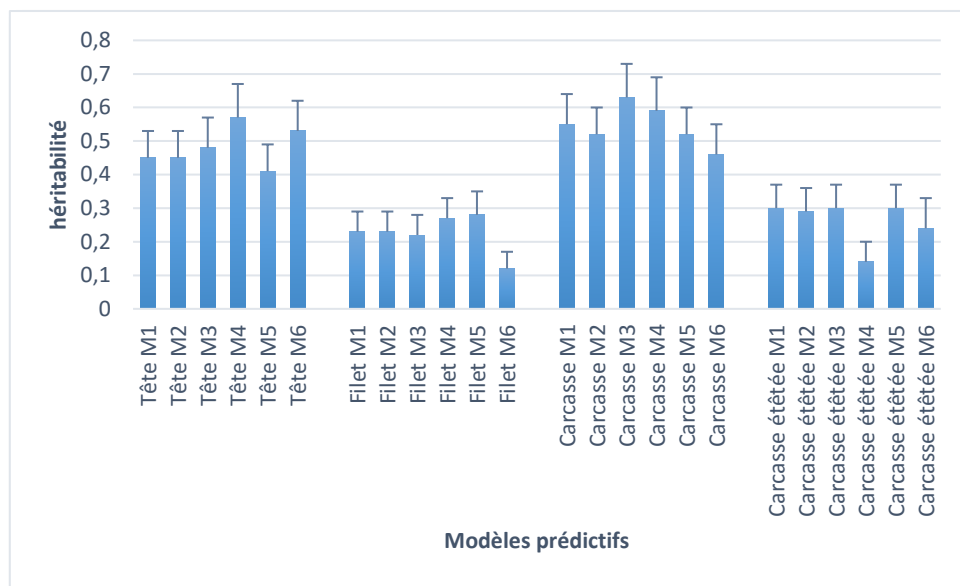


Figure XVII : Héritabilité des modèles prédictifs des rendements de découpes ciblent

Les héritabilités des modèles de prédiction de la tête et de la carcasse sont supérieures ou égales à 0.40. Tandis que les héritabilités du filet et de la carcasse étêtée sont plus faibles (comprises entre 0.15 et 0.30). Le modèle 6 présente l'héritabilité la plus faible pour le rendement de filetage (différence minimale de 0.10 avec les autres modèles). Enfin, les modèles 4 et 6 possèdent une héritabilité plus faible que les autres modèles pour la carcasse étêtée. Ils sont respectivement à 0.14 et 0.24 tandis que les autres sont égaux à 0.30.

g.5) Corrélations génétiques entre les modèles prédictifs et les rendements

Le détail des corrélations entre les modèles prédictifs et tous les rendements de découpe est présent en annexe XVIII.

Les meilleurs modèles prédictifs (M1) et leurs rendements considérés sont fortement corrélés entre eux. Les modèles permettent donc bien d'estimer les rendements. Quelque soit le modèle, la corrélation de ce dernier avec le rendement de filetage figure parmi les corrélations les plus faibles.

A noter que les modèles carcasse sont plus corrélés avec le rendement en tête qu'avec le rendement carcasse ce qui signifie probablement qu'une erreur a eu lieu lors de la réalisation de ces modèles.

h) Estimation de la réponse à la sélection via le calcul du gain théorique

h.1) Gain théorique obtenus sur les modèles de prédiction, les rendements cibles et les résidus

Les gains théoriques d'une sélection massale obtenus en fonction des diverses pression par sélection monocaractère sont présentés dans les figures ci-dessous :

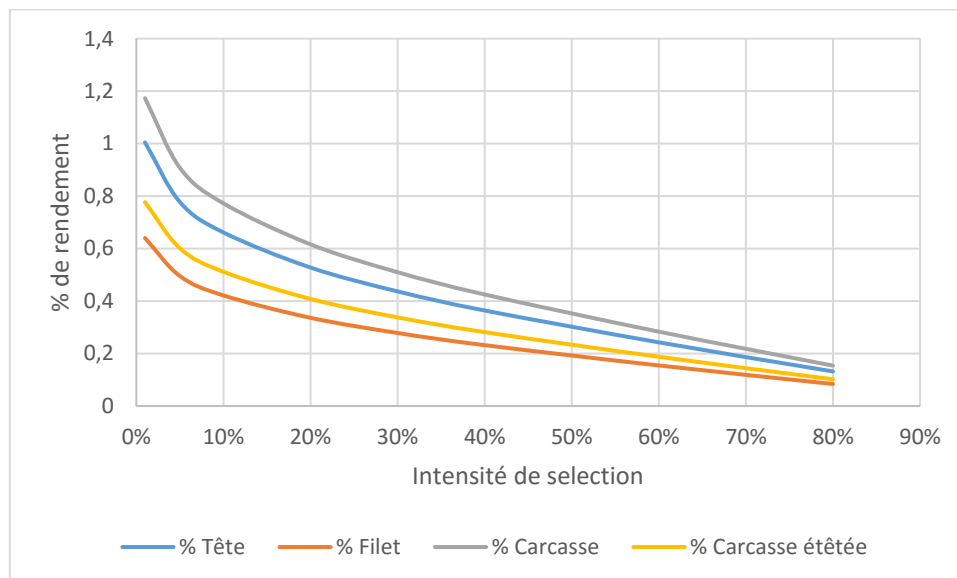


Figure XVIII : Gains théoriques en fonction de différentes pressions de sélection allant de 1 à 80% sur les quatre rendements

Ce graphique illustre clairement que plus la pression de sélection est forte plus les gains potentiels sont élevés. En effet une pression de sélection forte revient à être plus stricte dans ses choix de reproducteurs puisque peu d'individus sont sélectionnés pour la reproduction.

Ce graphique présente également les différences de gains possibles en fonction des divers rendements. Le rendement carcasse possède la plus grande capacité de gain. A l'inverse, le gain théorique potentiel pour le rendement de filetage est le plus faible. Au mieux, les gains pour le rendement de filetage sont de 0.64 points de rendement (à 1% de sélection) contre 1.17 pour le rendement carcasse. Les gains potentiels pour le rendement de filetage sont donc 54% moins importants que pour le rendement carcasse à pressions équivalentes.

h.2) Réponses corrélée obtenus en fonction des divers modèles de prédictions

Le graphique XIX qui suit regroupe quatre graphiques comparant les gains théoriques qui seraient obtenus par génération sur les rendements et les réponses corrélées de ces mêmes rendements via la sélection sur un modèle. Les modèles qui ont été choisis ici correspondent aux modèles présentant les meilleures valeurs génétiques de chaque rendement cible. Les gains

présentés correspondent aux gains obtenus avec 30% ou 10% de pression de sélection sur les candidats :

- Sélection familiale sur le rendement avec 30% de pression (SFam30%)
- Sélection massale sur le modèle avec 30% de pression (SMasMod30%)
- Sélection familiale sur le modèle avec 30% de pression (SFamMod30%)
- Sélection massale sur le modèle avec 10% de pression (SMasMod10%)

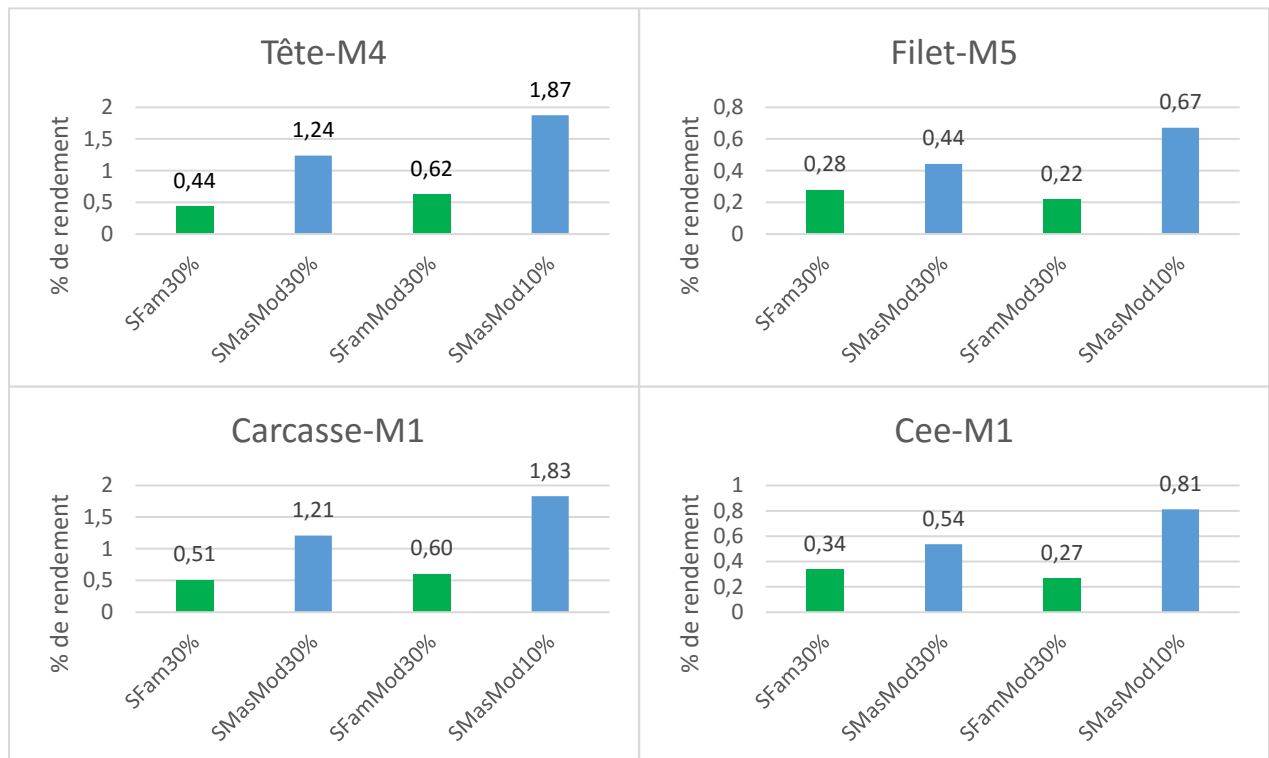


Figure XIX : gains théoriques et réponses corrélées sur les rendements cibles estimés selon 30% de pression de sélection et les meilleurs modèles génétiques ; rdt = rendement, Rg = Réponse corrélée

Le rendement en tête et le rendement carcasse sont les rendements possédant le plus de possibilités de gains. Le rendement de filetage est le rendement présentant les gains les plus faibles. Plus le gain théorique est élevé plus la réponse corrélée sera importante.

Le graphique XX compare les gains sur les rendements cibles par réponse corrélée entre le modèle M1 (le meilleur modèle) et le modèle M6 (le modèle simplifié) via une sélection sur-apparentée sur rendement.

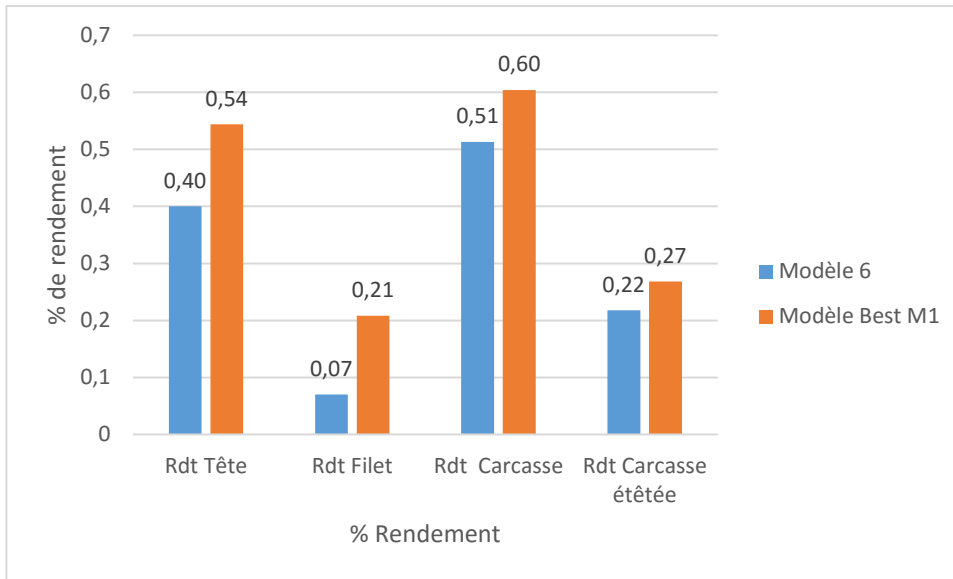


Figure XX : Comparaison des gains théoriques obtenus en fonction de deux modèles prédictifs suivant une pression de sélection familiale sur-apparentée

La simplification des modèles ne détériore pas forcément les possibilités de gains. En effet pour le rendement carcasse et carcasse éviscérée étêtée la différence n'est que de 0.6% pour M1 contre 0.51% pour M6 et de 0.27% pour M1 contre 0.22% pour M6. La plus grande différence est observée entre les modèles tête et filet ou la différence de gains atteint est de 0.14% point de différence entre M1 et M6.

h.3) Estimation des gains à partir des valeurs génétiques

Dans le cadre de ce projet une pression de 30% est appliquée respectivement sur les mâles et sur les femelles (soit 284 mâles et 153 femelles sont choisis comme reproducteurs).

La figure XXI présente les valeurs génétiques moyennes des individus après sélection via le logiciel « optichoix ». La pression de sélection est de 30% et les résultats sont présentés pour deux taux de consanguinité différents : 0 et 1%

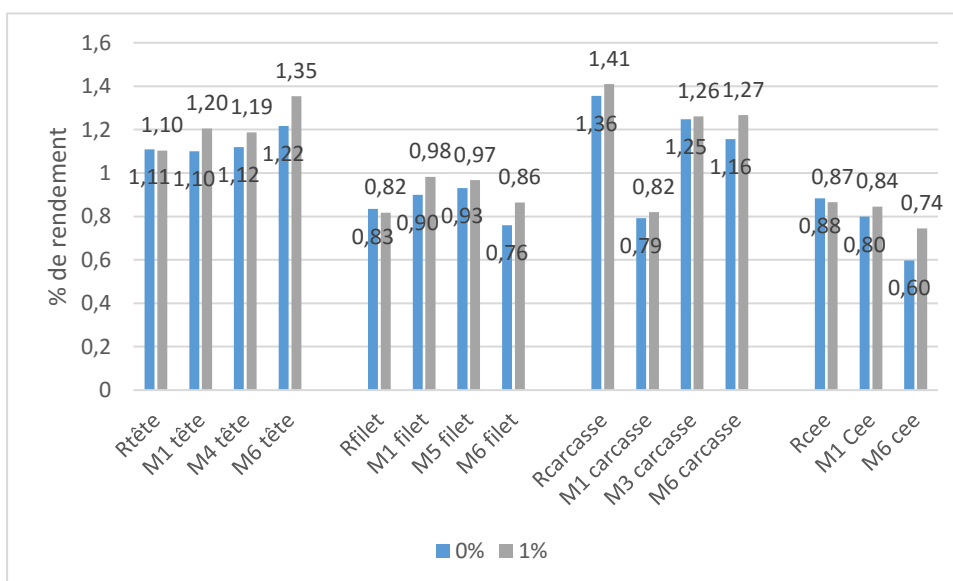


Figure XXI : Valeur génétique des individus sélectionnés suivant différents taux de consanguinité pour une pression de sélection massale de 30% ; R = Rendement, cee = carcasse éviscérée étêtée

Les rendements cibles sont présents dans cette figure, de même que les prédicteurs associés aux modèles considérés comme les meilleurs (M1), les modèles simplifiés (M6) et les meilleurs modèles comme considérés plus haut pour chaque rendement cible (M4 pour le rendement en tête, M5 pour le filet, M6 pour la carcasse et M1 pour la carcasse éviscérée étêtée).

Le rendement carcasse (1.4%) est la variable possédant la plus grande valeur génétique. Le modèle possédant les plus fortes valeurs génétiques est le modèle simplifié du rendement en tête (M6 tête) avec une valeur de presque 1.4 point de rendement.

Ce graphique permet également de mettre en avant le fait que ce qui avait été considéré comme le meilleur modèle prédictif du point de vue phénotypique ne l'est pas forcément du point de vue génétique. En effet, pour les modèles tête, par exemple, le modèle ayant la valeur génétique la plus faible est le modèle M1 soit le meilleur prédicteur phénotypique tandis que le modèle 6 possède des valeurs génétiques plus élevées. Pour rappel le modèle M1 en tête possédait un R² de 62.56% contre 32% pour le modèle M6.

Le graphique XXII estime le gain potentiel des rendements cibles sur quatre générations pour des pressions de sélections de 30% suivant deux méthodes de calcul de gains et des taux de consanguinité de 0%.

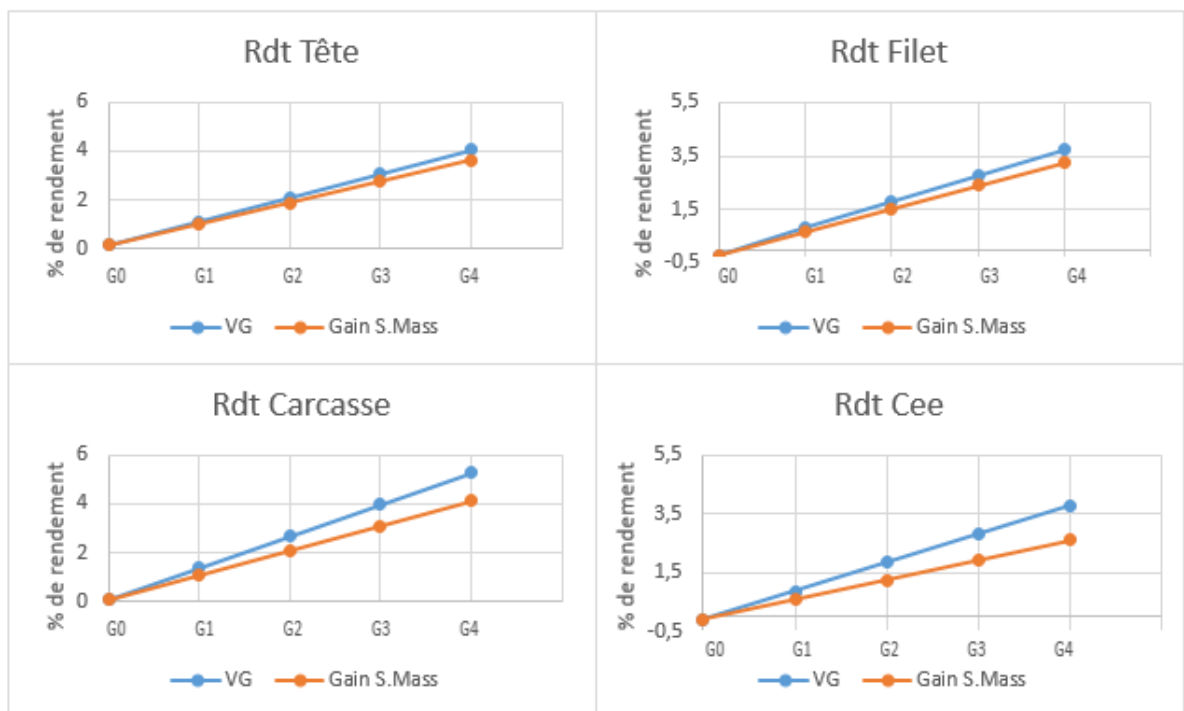


Figure XXII : Estimation de l'augmentation des rendements cibles en 4 générations avec un taux de consanguinité de 0% via une sélection familiale et via le mode de sélection d'optichoix (notée VG) ; Rdt = rendement, Cee = carcasse éviscérée étêtée

Les gains entre les différentes générations sont estimés être constants.

En général, les programmes de sélections appliquent des pressions de l'ordre de 20% à 30%. Cette figure montre qu'en seulement quatre générations, avec une pression de sélection uniquement de 30%, il est possible d'améliorer les rendements de plus de 4% de rendement (gain de 5% de rendement pour la carcasse par exemple) et ceci avec 0% de taux de consanguinité. En pratique, en utilisant les valeurs génétiques, après une génération de sélection sur le rendement filetage, sur 1000 tonnes de poisson fileté, le gain estimé sera de 8 à 9 tonnes de filet supplémentaires.

De plus, les gains obtenus en utilisant la sélection des meilleurs reproducteurs (optichoix) sont plus importants qu'avec une estimation de progrès selon la formule classique qui sous-estime les gains potentiels.

III) Discussion

L'objectif de cette étude était de tenter d'identifier des caractères permettant à l'avenir de prédire les rendements de découpe de manière non létale dans le but d'améliorer l'efficacité de production via la sélection.

Bien que l'objectif principal soit la maximisation de la quantité de chair au filetage, il est important de noter qu'un meilleur rendement aura des impacts positifs sur l'environnement puisque cela signifiera diminuer la quantité de déchets produits suite à l'abattage mais aussi mieux valoriser l'alimentation distribuée aux poissons (« Le programme FilDor : associer sélection génétique et analyse d'impact environnemental des élevages de poissons » 2016).

Enfin, l'amélioration du rendement de filetage dépendra des limites des modifications morphologiques possibles à apporter sur un individu. En effet, tout changement morphologique relatif aux dimensions des différentes parties du corps est susceptible d'interférer avec les fonctions corporelles risquant d'altérer le bon fonctionnement de l'organisme. (Nguyen et al. 2010)

Les résultats obtenus lors de ce projet proviennent de l'étude d'une lignée commerciale d'animaux mâles et femelles.

Dans un premier temps il est important de signaler qu'avant toute généralisation à d'autres lignées de la même espèce voire à d'autres espèces, il est indispensable de valider ces résultats avec l'acquisition de paramètres génétiques sur plusieurs générations, ou sur d'autres lignées, ainsi qu'à d'autres âges ou poids d'abattage. De plus ici l'état de maturation des individus femelles n'a pas été pris en compte dans l'établissement des modèles et pourrait dans une autre étude jouer un rôle décisif sur les résultats.

Le protocole utilisé s'est avéré adapté pour obtenir des mesures justes. Cependant la saisie des points remarquables sous le logiciel de traitement d'images Visilog reste un travail fastidieux et laborieux soumis à un effet « manipulateur » (chaque manipulateur ne saisit pas exactement de la même manière) et a un effet jours (le travail sur écran peut « fatiguer » le manipulateur au bout d'un certain temps). En effet il a fallu trois semaines pour effectuer cette saisie sur 1500 individus. Ce travail manuel peut donc à court comme à long terme entraîner des erreurs de saisie pouvant rendre parfois les résultats imprécis. Heureusement l'utilisation croisées de coordonnées 2D et 3D permet de minimiser ces imprécisions, offre un possible « retour en arrière » en cas d'erreur (grâce à la 2D) et apporte une notion de relief (permis par la 3D). Enfin, l'obtention des mesures lors du chantier d'abattage a pu également entraîner quelques erreurs qui ont été minimisées par dévalidation et suppression des données aberrantes.

L'utilisation de lots extrêmes comme utilisés lors de ce projet, a déjà servi pour d'autres études dont celle menée par Ramona Elena Soric en 2012. Elle avait montré qu'il existait effectivement des différences significatives de forme de corps entre les individus fortement parasités et faiblement parasités. (« morphometrics for Anisakiasis diagnosis in the north Atlantic horse mackerel (*Trachurus trachurus*).pdf » 2016). De même cette méthode a été utilisée par Haffray et al. (2013) et Ouattara et al (2015) lors de son stage de fin d'étude sur la daurade pour définir les différents morphotypes.

Modèles phénotypiques de prédictions des rendements

Cette approche a consisté à tester par régression linéaire simple puis multiple les corrélations phénotypiques entre les rendements de découpe d'intérêts (tête, filet, carcasse,

carcasse étêtée) et les mesures de longueurs et de surfaces pondérées obtenus à partir de photographies 2D et 3D.

L'objectif des modèles construits est de prédire au mieux, grâce à diverses variables, les rendements cibles. Le moins possible de variables brutes sont intégrées aux modèles car elles sont trop liées au poids et/ou à la taille de l'individu. De plus, un seul caractère morphologique ne pouvant à lui seul expliquer un fort pourcentage de la variabilité des rendements de découpe, il est indispensable d'utiliser plusieurs caractères morphologiques afin d'obtenir des modèles les plus prédictifs possible.

Par exemple, le modèle de prédiction du rendement en tête intègre logiquement des variables en rapport avec la forme de la tête (le volume, la surface, la hauteur, la longueur etc...). Les analyses morpho métriques ont joué ici le rôle de repère et de point de départ en illustrant graphiquement les modifications morphologiques qu'apportent un haut et un bas rendement en tête.

De la même manière, le modèle prédictif du rendement en carcasse étêtée intègre en plus de la surface de la tête, le rapport de hauteur de la cavité abdominale (le rendement en tête étant positivement corrélé au rendement en carcasse, plus les poissons auront une grosse tête plus le rendement en carcasse en sera impacté). Plus cette dernière sera développée plus le poids des viscères sera faible et le rendement en carcasse meilleur. Cependant un individu peut présenter une aire abdominale importante due à la présence d'une grande masse musculaire ventrale (le poids de ses viscères est donc plus modéré que prévu). C'est ce que traduit la variable échographique E8/E23 dans ce modèle.

Des modèles phénotypiques équivalent à ceux du projet Bar-3D

Les individus utilisés pour le projet Bar-3D pesaient en moyenne 395.4 g contre 285.7 ici et la sex-ratio était déséquilibrée en faveur des femelles contrairement au présent projet où les mâles étaient majoritaires. (904 mâles et 595 femelles pour ce projet contre 378 mâles et 382 femelles pour le projet Bar-3D)

Les R² obtenus pour le meilleur modèle filet (13.91%), et le meilleur modèle carcasse (38.02%) sont équivalents à ceux obtenus lors du projet Bar-3D. Les résultats obtenus étaient respectivement de 16% pour le rendement en filet et de 41% pour le rendement carcasse.

Les résultats observés sur le bar sont inférieurs à ceux du projet Fishboost sur la daurade (Ouattara et al, 2015) en ce qui concerne le modèle filet (13% contre 26%) et le modèle carcasse éviscérée étêtée (17.15% contre 30%). En revanche ils sont supérieurs à ceux du projet truite, réalisé par Rivard et al (Rivard et al, 2010), pour les modèles tête (62.56% contre 50%) et carcasse étêtée éviscérée (38.02% contre 37.08%) mais inférieur en ce qui concerne le modèle carcasse (40% contre 38.02%).

Enfin, ces résultats sont inférieurs à ceux présentés sur la truite arc-en-ciel (Haffray et al. 2013) à savoir 40 et 38% respectivement pour les prédictions des rendements carcasse et carcasse éviscérée étêtée. En revanche ils sont supérieurs en ce qui concerne la prédiction du rendement tête (62.5% contre 50%).

Globalement le modèle en tête est celui présentant systématiquement la meilleure prédiction à l'opposé des modèles filets qui, eux, sont indubitablement les plus faibles, chez le bar.

La différence existant entre les résultats présentés dans ce projet et ceux détenus par les projets daurade et truite suppose une différence de potentiel de prédiction entre les espèces. Néanmoins l'ensemble de ces résultats confirment qu'il serait plus facile de prédire le rendement en tête que les autres rendements d'abattage.

La 3D n'est pas supérieur à la 2D

L'étude des morphotypes extrêmes sous le logiciel MorphoJ a mis en évidence qu'une discrimination de lots à forts et faibles rendements par la morphologie externe est possible lorsque l'on s'affranchit de la « taille du poisson » (rendue possible par la superposition Procruste).

La méthode 3D bien que plus prédictive que la méthode 2D ne semble pas pour autant être plus discriminante puisque les résultats obtenus en 3D présentent pratiquement les mêmes pourcentages d'erreurs de discrimination que ceux obtenus en 2D. L'inverse aurait pu être attendu du fait que la 3D amène une dimension supplémentaire ajoutant une notion de volume. Celle-ci permet d'obtenir des volumes et de percevoir l'épaisseur et contrebalance l'incapacité de la 2D à prendre en compte ces variabilités morphologiques.

Plusieurs hypothèses peuvent expliquer cela :

- La prise des coordonnées 3D se fait sur un chantier de mesures. Les animaux y sont abattus puis les coordonnées sont relevées à l'aide d'un bras 3D. Elle doit donc être rapide. Le manipulateur a comme contrainte de ne pas ralentir la chaîne de travail.
- La saisie se fait manuellement. Aucun repère ne permet au manipulateur de s'assurer que la saisie de ses points est bien sur la même verticale. Il est donc difficile de s'assurer de positionner le stylet toujours au même endroit.
- C'est un travail qui demande une concentration constante tout au long de la journée
- La répétabilité de l'action entraîne un effet de « fatigue » sur le manipulateur
- il n'y a pas possibilité de se rendre compte d'erreurs de saisie en direct (la visualisation des coordonnées en 3D n'étant pas facilement interprétable lors de la saisie).

Pour limiter cela un quadrillage laser pourrait être projeté sur l'animal mais cela entraînerait des coûts supplémentaires en matériel. Il faudrait également travailler à l'abri de la lumière pour minimiser les reflets qui pourraient rendre le quadrillage moins visible.

C'est pourquoi d'autres moyens d'obtention des données sont encore recherchés. Certaines hypothèses amènent l'INRA à s'orienter vers des technologies plus coûteuses comme l'IRM (Imagerie par Résonance Magnétique) ou l'utilisation des rayons X. Cependant ce matériel reste encore aujourd'hui inaccessible du fait des contraintes budgétaires et de l'impossibilité de déplacement de l'IRM.

Enfin une dernière méthode pourrait potentiellement être utilisée, le scan 3D. L'inconvénient de cette méthode est l'absence de colorimétrie puisque le scan 3D ne donne pas les pixels en couleur. La superposition de deux caméras serait alors une solution à ce problème mais là encore un fort coût de matériel serait à prévoir.

Ce que montre la morphologie des individus

Il ressort de cette étude morphométrique que les individus à fort rendement en carcasse semblent corrélés positivement avec le rendement en tête puisque les bars présentant un haut rendement en carcasse se caractérisent presque de la même manière que ceux ayant un haut rendement tête (une grosse tête et un ventre plat).

Les individus à haut rendement de filetage présentent : une petite tête peu épaisse ainsi qu'une caudale assez épaisse. Globalement il s'agit d'un compromis entre un corps allongé/oblong (masses musculaires bien équilibrées) et une petite tête, peu épaisse.

Les individus à au haut rendement en carcasse éviscérée étêtée se caractérisent eux essentiellement par la présence d'un ventre très peu développé.

Des héritabilités et corrélations génétiques des rendements de découpe encourageantes

- De bonnes héritabilités des caractères de croissance

Les héritabilités de la longueur, du poids et du coefficient de condition sont respectivement de 0.48, 0.61 et 0.65. Les héritabilités des mesures échographiques sont supérieures à 0.4 excepté pour les mesures des échographies 8 et 9 ($h^2 < 0.2$).

L'héritabilité du poids est supérieure à celle obtenue lors du projet Bar- 3D (0.61 contre 0.41). En revanche ils sont équivalents en ce qui concerne le poids à ceux obtenus par Saillant et al en 2009 (Saillant et al. 2009) (sachant que lors de ce projet les individus utilisés étaient plus lourds que ceux qui ont servi pour le présent projet a raison de 500g) et supérieurs à ceux rapportés dans une autre étude de 199g (Vandeputte et al. 2014). L'héritabilité obtenue pour K est également supérieure à celle obtenue par Saillant, à savoir 0.10.

De plus, toutes les corrélations avec la croissance et les différentes mesures d'épaisseurs corporelles ou de profondeurs viscérales sont positives ce qui traduit qu'une sélection sur la vitesse de croissance devrait s'accompagner d'un épaissement des poissons avec leur augmentation de poids ou de longueur.

- Des héritabilités de rendement supérieures à Bar-3D

Les divers rendements cibles ont des héritabilités modérées à élevées (de 0.31 à 0.53). De même que précédemment, les résultats sont supérieurs à ceux du projet Bar- 3D (0.57 pour le rendement carcasse, 0.32 pour le rendement carcasse éviscérée étêtée et 0.20 pour le rendement filet). En revanche les héritabilités du rendement de filetage et de la tête sont inférieures (0.63 pour le rendement filet et 0.87 pour le rendement tête) à celles obtenues par Saillant.(Saillant et al. 2009). Enfin ces résultats sont équivalents en ce qui concerne les rendements filet et carcasse (0.28 et 0.48) a ceux obtenus par Vandeputte et al en 2014 (Vandeputte et al. 2014)

Les différences entre les résultats présentés ici et les résultats rapportés antérieurement par la même équipe de recherche associant l'Ifremer, l'INRA et le SYSAAF peuvent, en partie, venir des différences d'élevage (cage ou bassin), des souches utilisées (sauvages, déjà sélectionnées etc.), des protocoles de mesures, des protocoles expérimentaux (âge et poids des individus peuvent également influencer) et/ou des méthodes de traitement utilisées pour la détermination des caractères génétiques bien qu'ils soient espérés identiques.

Dans tous les cas, l'ensemble des caractères, présentant des valeurs d'héritabilité intermédiaires, voire fortes notamment pour les quatre rendements, traduisent la possibilité d'exercer une sélection efficace sur les différents caractères étudiés. L'utilisation de ces variables comme prédicteurs pour l'amélioration des rendements de découpe par la sélection génétique est donc envisageable.

- Comparaison de l'héritabilité des résidus avec l'héritabilité des rendements

Les héritabilités des résidus (0.35, 0.28, 0.48, 0.37) respectivement pour la tête, le filet, la carcasse et la carcasse éviscérée étêtée, sont inférieures à celle obtenues pour les rendements (0.5, 0.31, 0.53 et 0.45) mais restent du même ordre de grandeur. De plus les corrélations génétiques entre les résidus et leur rendement cible sont très élevées (0.92 entre le rendement tête et son résidu, 0.95 pour le filet, 0.89 pour la carcasse et 0.99 pour la carcasse éviscérée étêtée). Ces résultats indiquent qu'une sélection est possible autant sur les rendements que sur les résidus.

- Héritabilités des prédicteurs

Les h^2 des modèles prédictifs sont modérées à limitées pour ce qui est des modèles sur le rendement de filetage et sur le rendement carcasse éviscérée étêtée. Certaines h^2 des modèles prédictifs sont plus élevées que les h^2 estimées sur les rendements. (h^2 de 0.63 pour M3 carcasse contre une h^2 de 0.53 pour le rendement carcasse, de même h^2 de 0.57 pour M3 tête contre une h^2 de 0.5 pour le rendement en tête)

Les héritabilités des prédicteurs des rendements de découpe sont équivalentes voir supérieures à celles des rendements à prédire concernant le rendement en tête (0.5 vs 0.45 à 0.65)

et carcasse (0.53 vs 0.45 à 0.62). Cela suggère donc, qu'il serait plus intéressant d'utiliser des prédicteurs et non pas les rendements car la sélection sur ces derniers serait plus efficace. De telles hypothèses avaient été émises lors d'une précédente étude menée par Haffray et al ou des corrélations allant de 0.56 à 0.68 avaient été obtenues entre les différents rendements de découpe et leurs modèles prédictifs (Haffray et al. 2013). Cette étude, menée sur la truite arc-en-ciel avait ainsi montrés le lien entre la morphologie externe et les rendements de découpe, les deux étant liés au développement relatif des masse musculaires, adipeuses et osseuses.

En revanche, l' h^2 des rendements en filet (h^2 de 0.31 sur le rendement contre 0.28 au maximum avec les modèles prédictifs) et carcasse étêtée (h^2 de 0.45 sur le rendement contre 0.30 au maximum avec les modèles prédictifs) est plus faible que celle observée sur les modèles. Il serait donc plus intéressant de favoriser la sélection sur le rendement dans ce cas.

Il est important de favoriser les modèles avec les meilleures héritabilités sur les rendements cibles car leur utilisation permettrait de s'affranchir de la découpe des individus.

- Ce qu'apporterait une sélection sur le poids ou la croissance sur les rendements

La sélection sur le poids aurait pour impact de diminuer la taille relative de la tête (R_g poids/tête = -0.65) mais augmenterait les pertes à l'éviscération (diminuant de ce fait légèrement le rendement de ce dernier) puisqu'il est positivement corrélé avec le rendement carcasse éviscérée étêtée ($R_g = 0.14$).

Une sélection sur la longueur devrait favoriser des morphotypes a tête réduite ($R_g = -0.49$), mais n'impactera pas de manière importante les rendements carcasse éviscérée étêtée ($R_g = 0.16$) ni le rendement de filetage ($R_g = 0.12$) mais devrait les favoriser un minimum.

- Les corrélations génétiques des différents rendements de découpe

Les corrélations entre les rendements des parties et leurs résidus sont très élevées (supérieur ou égale à 0.89). Cela est cohérent car des résultats proches de 1 étaient attendus. En effet, les résidus représentant les rendements corrigés de l'effet du poids, il est tout à fait cohérent qu'ils soient très corrélés entre eux à partir du moment où le poids vif a peu d'impact sur les rendements.

La corrélation obtenue entre le rendement de filetage et le rendement en carcasse éviscérée étêtée est très élevés (0.93). Des résultats similaires, mais moins élevés (corrélation de 0.79 entre les résidus logarithmiques de la carcasse éviscérée étêtée et le filet) avaient été obtenus lors du projet Bar3D effectué par Vandeputte et al. Une étude menée par Haffray et al sur la truite arc-en-ciel (Haffray et al. 2012) avait également abouti aux mêmes résultats avec une corrélation génétique entre le rendement de filetage et le rendement de carcasse éviscérée étêtée très forte (0.97).

Ces résultats confirme la possible utilisation du rendement en carcasse éviscérée étêtée comme critère de sélection indirect pour améliorer le rendement de filetage puisqu'une sélection sur ce dernier impactera le rendement de filetage. De plus, la mesure du rendement de filetage à partir du rendement de carcasse éviscérée étêtée permettrait de supprimer l'étape de filetage et donc de diminuer la charge de travail lors des chantiers de mesures.

De plus l'héritabilité du rendement carcasse éviscérée étêtée montre bien que son amélioration via la sélection génétique est envisageable chez cette espèce.

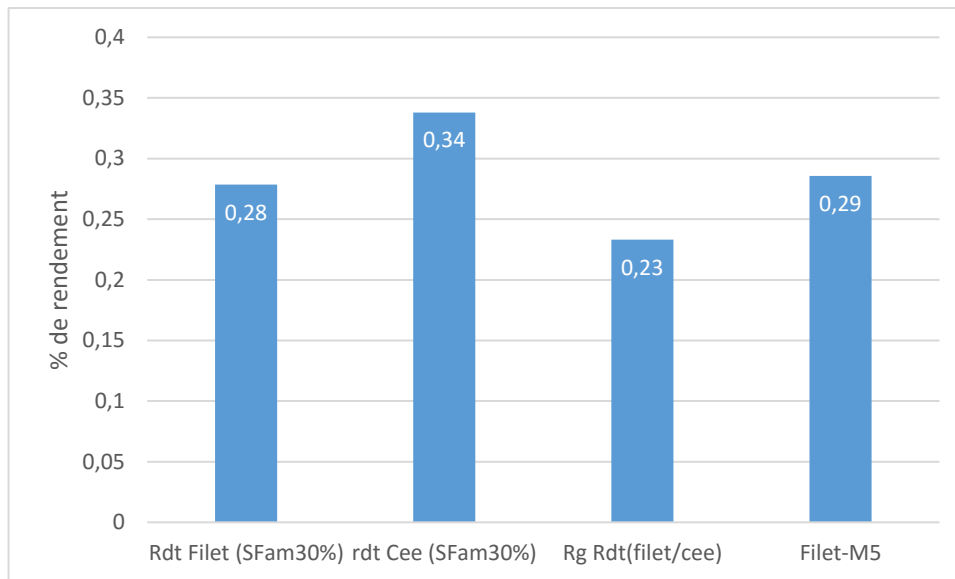


Figure XXIII : Comparaison des gains obtenus sur le rendement de filetage, en carcasse éviscérée étêtée et des gains obtenus sur le rendement de filetage par réponse corrélée des deux rendements et du meilleurs modèles en filetage (M5) avec 30% de pression

Sur ce graphique les gains obtenus par réponse corrélée des deux rendements sont quasiment aussi importants que les gains obtenus avec le modèle prédictif. Une sélection sur la carcasse étêtée aura donc de réelles conséquences sur le rendement de filetage.

- Les corrélations génétiques entre les modèles prédictifs et les rendements de découpe

Les faibles corrélations existantes entre les modèles prédictifs et le rendement de filetage supposent que le rendement de filetage est le plus difficile à prédire (0.26 ± 0.22 à 0.56 ± 0.14). En revanche les fortes corrélations des modèles avec les rendements en carcasse et carcasse éviscérée étêtée amènent à penser que ces derniers sont les plus faciles à prédire (0.65 ± 0.1 à 0.75 ± 0.1).

Estimation des gains par sélection et valeurs génétiques

Plus la pression de sélection est forte et plus le gain potentiel est important. Cela est cohérent puisque le choix des reproducteurs est plus strict.

Les gains corrélés obtenus par sélection massale sur les prédicteurs sont beaucoup plus importants que les gains obtenus via une sélection familiale. Cela s'explique par la différence de pression exercée sur les prédicteurs et de l'impact de l'aléa de méiose en sélection familiale qui conduit à réduire les gains de 50%. En effet il est impossible de différencier les candidats d'une même famille avec une bonne ou une mauvaise performance.

Le logiciel « optichoix » a permis un classement efficace des individus en fonction de leurs valeurs génétiques pour le caractère sélectionné et du taux de consanguinité choisis. Il en ressort, pour les modèles prédictifs, que le modèle possédant le R^2 le plus élevé n'est pas forcément celui présentant les meilleures valeurs génétiques pour le rendement considéré. Cela suggère qu'il serait peut-être tout autant voir plus intéressant de sélectionner les individus non pas sur leurs caractères morphologiques mais bien sur leurs valeurs génétiques.

Enfin, un taux de consanguinité élevé ne favorise pas forcément la valeur génétique puisque celle-ci est équivalente quelle que soit le taux de consanguinité choisi. Il est donc plus intéressant de favoriser des taux de consanguinité faibles voir intermédiaires afin de maximiser les gains tout en permettant à la performance cible de s'améliorer.

IV) Conclusion et perspectives d'application

Ce travail a permis d'identifier plusieurs modèles de prédictions de rendements de découpes. Si certains de ces prédicteurs présentent des héritabilités plus limitées que les rendements à prédire, ce travail confirme qu'ils sont cependant fortement corrélés. Le rendement de filetage reste toutefois le rendement le plus difficile à prédire.

La comparaison de l'efficacité de prédiction des divers modèles de prédiction suppose qu'il serait possible de diminuer le nombre de points remarquables lors de la saisie. En effet, peu de différences sont observées entre le meilleur modèle considéré (M1) et le modèle 2D 16 points (M5). De plus, l'obtention d'un sixième modèle par simplification a prouvé que diminuer le nombre de variables à inclure dans le modèle et leur simplification n'impactait pas ou peu sur les gains potentiels. Cependant, des problèmes de construction des modèles carcasse ont été rencontrés. Il faudrait revoir ces modèles afin de corriger les erreurs, à savoir que ces derniers sont plus corrélés avec le rendement en tête qu'avec leur rendement cible.

Ces résultats sont tout de même très intéressants car ils suggèrent qu'il serait possible de diminuer la charge de travail et d'en augmenter la vitesse tout en ne diminuant pas la qualité des résultats escomptés.

De la même manière, la corrélation observée entre le rendement de filetage et le rendement de carcasse éviscérée étêtée laisse entrevoir la possibilité d'utiliser ce dernier comme prédicteur du rendement de filetage et de simplifier les battages en supprimant les erreurs de filetage. Cela aurait comme conséquence la non nécessité de fileter les individus et serait un gain de temps lors des chantiers de mesures.

Les résultats confirment ce qui avait été rapporté lors du projet Bar-3D à savoir :

- Sélectionner sur la carcasse éviscérée étêtée serait un critère de sélection indirect possible pour améliorer le rendement de filetage
- La sélection via des modèles prédictifs doit être manipulée avec prudence mais reste faisable pour les rendements cibles

Lors de cette étude les résultats sont pour la plupart supérieurs à ceux présentés par le projet Bar-3D. Ceci peut s'expliquer par le nombre plus élevé d'individus ayant permis la construction d'un jeu de donnée plus étoffé (794 contre 1499 et taux d'assignation moyen). De plus des problèmes techniques (dérive du référentiel tridimensionnel de référence du bras Microscribe-3D) relatifs à la première utilisation du bras 3D avaient été relevés lors du projet bar 3D. Ces problèmes avaient empêché l'équipe d'exploiter pleinement les données collectées pour la prédiction génétique du rendement de filetage, problèmes qui ici n'ont pas été identifiés.

Les calculs de gains confirment la supériorité d'une sélection massale ou généalogique sur candidats avec les prédicteurs par rapport à une sélection sur apparenté sur rendement.

Les valeurs génétiques résultant de la classification et de la sélection des individus du lot considéré via le logiciel « optichoix » mettent en avant la possible utilisation des prédicteurs de rendement de découpe en se basant uniquement sur leurs valeurs génétiques en fonction des rendements considérés et non sur la morphologie des individus.

Enfin, il serait intéressant de continuer à travailler sur la simplification des modèles et d'introduire dès les premiers modèles la notion d'ellipticité (chose qui n'a pas été faite ici car cette notion a été approchée alors que les premiers modèles avaient déjà été réalisés).

Pour finir, ces résultats sont obtenus en utilisant des formules d'estimations de gains théoriques et par classement des valeurs génétiques des individus du lot considéré. L'étude de la précision des valeurs génétiques des candidats indexés sur les modèles et non pas sur le rendement de découpe pourrait consolider ces conclusions. Malheureusement, par manque de

temps, cette partie qui était initialement prévue, n'a pas pu se réaliser dans le cadre de ce stage. L'étude de la « breeding accuracy » aurait permis d'évaluer de manière plus précise l'influence génétique et aurait rajouté une seconde méthode de calcul de gains corrélés. Une description de cette méthode est disponible en annexe XIX.

V) Bibliographie

- BALASSE, Marie, Jean-Philip BRUGAL, Yannicke DAUPHIN, Eva-Maria-GEIGL, Christine OBERLIN, et Ina REICHE. 2015. *Messages d'os : Archéométrie du squelette animal et humain*. Archives contemporaines.
- Blonk, R.J.W., J. Komen, A. Tenghe, A. Kamstra, et J.A.M. van Arendonk. 2010. « Heritability of Shape in Common Sole, *Solea Solea*, Estimated from Image Analysis Data ». *Aquaculture* 307 (1-2): 6-11. doi:10.1016/j.aquaculture.2010.06.025.
- Gjerde, Bjarne, Samuel Bekele Mengistu, Jørgen Ødegård, Harry Johansen, et Danilo Soza Altamirano. 2012. « Quantitative Genetics of Body Weight, Fillet Weight and Fillet Yield in Nile Tilapia (*Oreochromis Niloticus*) ». *Aquaculture* 342-343 (avril): 117-24. doi:10.1016/j.aquaculture.2012.02.015.
- Haffray, Pierrick, Jérôme Bugeon, Cédric Pincet, Hervé Chapuis, Emmanuel Mazeiraud, Marie-Noelle Rossignol, Béatrice Chatain, Marc Vandeputte, et Mathilde Dupont-Nivet. 2012. « Negative genetic correlations between production traits and head or bony tissues in large all-female rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) ». *Aquaculture* 368–369 (novembre): 145-52. doi:10.1016/j.aquaculture.2012.09.023.
- Haffray, Pierrick, Jérôme Bugeon, Quentin Rivard, Benjamin Quittet, Sophie Puyo, Jean Michel Allamelou, Marc Vandeputte, et Mathilde Dupont-Nivet. 2013. « Genetic parameters of in-vivo prediction of carcass, head and fillet yields by internal ultrasound and 2D external imagery in large rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) ». *Aquaculture* 410–411 (octobre): 236-44. doi:10.1016/j.aquaculture.2013.06.016.
- Klingenberg, Christian Peter. 2011. « MorphoJ: An Integrated Software Package for Geometric Morphometrics: COMPUTER PROGRAM NOTE ». *Molecular Ecology Resources* 11 (2): 353-57. doi:10.1111/j.1755-0998.2010.02924.x.
- Komen, H., R. J. W. Blonk, et P. Sae-Lim. 2014. « Genetic Analysis of Shape in Trout, using image analysis ». In *ResearchGate*. https://www.researchgate.net/publication/279953519_Genetic_Analysis_of_Shape_in_Trou t_using_image_analysis.
- Masharawi, Youssef, Khalil Salame, Yigal Mirovsky, Smadar Peleg, Gali Dar, Nili Steinberg, et Israel Hershkovitz. 2008. « Vertebral Body Shape Variation in the Thoracic and Lumbar Spine: Characterization of Its Asymmetry and Wedging ». *Clinical Anatomy* 21 (1): 46-54. doi:10.1002/ca.20532.
- Nguyen, Nguyen Hong, Raul W. Ponzoni, Khairul R. Abu-Bakar, Azhar Hamzah, Hooi Ling Khaw, et Hong Yip Yee. 2010. « Correlated Response in Fillet Weight and Yield to Selection for Increased Harvest Weight in Genetically Improved Farmed Tilapia (GIFT Strain), *Oreochromis Niloticus* ». *Aquaculture* 305 (1-4): 1-5. doi:10.1016/j.aquaculture.2010.04.007.
- Ouattara, D., 2015. Comparaison des modélisations morphométriques 2D et 3D pour prédire les rendements de découpe chez la daurade, Mémoire de fin d'étude Agrocampus-ouest, 72 pages.
- Rivard, G., 2010. Utilisation de grandeurs morphométriques comme prédicteurs de rendements de découpe chez la truite arc-en-ciel de grande taille *Oncorhynchus mykiss*. Estimation de leurs paramètres génétiques, Mémoire de fin d'étude Agrocampus-ouest, 47 pages.
- Rye, M, et T Refstie. 1995. « Phenotypic and Genetic Parameters of Body Size Traits in Atlantic Salmon *Salmo Salar* L. » *Aquaculture Research* 26 (12): 875-85. doi:10.1111/j.1365-2109.1995.tb00882.x.
- Saillant, Eric, Mathilde Dupont-Nivet, Pierrick Haffray, et Béatrice Chatain. 2006. « Estimates of Heritability and Genotype–environment Interactions for Body Weight in Sea Bass (*Dicentrarchus Labrax* L.) Raised under Communal Rearing Conditions ». *Aquaculture* 254 (1-4): 139-47. doi:10.1016/j.aquaculture.2005.10.018.
- Saillant, Eric, Mathilde Dupont-Nivet, Marie Sabourault, Pierrick Haffray, Stanislas Laureau, Marie-Odile Vidal, et Béatrice Chatain. 2009. « Genetic variation for carcass quality traits in cultured

- sea bass (*Dicentrarchus labrax*) ». *Aquatic Living Resources* 22 (1): 105-12. doi:10.1051/alr/2009010.
- Saillant, Eric, Alexis Fostier, Bruno Menu, Pierrick Haffray, et Béatrice Chatain. 2001. « Sexual Growth Dimorphism in Sea Bass *Dicentrarchus Labrax* ». *Aquaculture* 202 (3-4): 371-87. doi:10.1016/S0044-8486(01)00786-4.
- Sang, Nguyen Van, Magny Thomassen, Gunnar Klemetsdal, et Hans Magnus Gjøen. 2009. « Prediction of Fillet Weight, Fillet Yield, and Fillet Fat for Live River Catfish (*Pangasianodon Hypophthalmus*) ». *Aquaculture* 288 (3-4): 166-71. doi:10.1016/j.aquaculture.2008.11.030.
- Servan, E., 2011. Evaluation des bases génétiques, de la morphologie et des rendements de découpe de la daurade (*Sparus aurata*) et interactions avec deux milieux d'élevage (cage et circuit fermé), Mémoire de fin d'étude Agrocampus-ouest, 38 pages.
- Thodesen, Jørn, Morten Rye, Yu-Xiang Wang, Hans B. Bentsen, et Trygve Gjedrem. 2012. « Genetic Improvement of Tilapias in China: Genetic Parameters and Selection Responses in Fillet Traits of Nile Tilapia (*Oreochromis Niloticus*) after Six Generations of Multi-Trait Selection for Growth and Fillet Yield ». *Aquaculture* 366-367 (novembre): 67-75. doi:10.1016/j.aquaculture.2012.08.028.
- Tine, Mbaye, Heiner Kuhl, Pierre-Alexandre Gagnaire, Bruno Louro, Erick Desmarais, Rute S.T. Martins, Jochen Hecht, et al. 2014. « European sea bass genome and its variation provide insights into adaptation to euryhalinity and speciation ». *Nature Communications* 5 (décembre): 5770. doi:10.1038/ncomms6770.
- Vandeputte, Marc, Romain Garouste, Mathilde Dupont-Nivet, Pierrick Haffray, Alain Vergnet, Hervé Chavanne, Stanislas Laureau, et al. 2014. « Multi-site evaluation of the rearing performances of 5 wild populations of European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) ». *Aquaculture* 424-425 (mars): 239-48. doi:10.1016/j.aquaculture.2014.01.005.

VI) Webographie

- « Annual Report - FEAP ». 2016. Consulté le août 28. <http://www.feap.info/Default.asp?SHORTCUT=617>.
- « Allométrie : définition ». 2016. AquaPortail. Consulté le avril 27. <http://www.aquaportail.com/definition-3741-allometrie.html>.
- « Aqualande, un groupe coopératif dynamique ». 2016. Consulté le avril 27. <http://www.groupeaqualande.com/le-groupe/presentation.aspx>.
- « blupf90.pdf ». 2016. Consulté le août 17. <http://nce.ads.uga.edu/%7Eignacy/numpub/blupf90/docs/blupf90.pdf>.
- « Corrélation génotype/phénotype ». 2014. *AFM-Téléthon*. juillet 24. <http://www.afm-telethon.fr/glossaire/correlation-genotypephenotype-2788>.
- « *Dicentrarchus labrax* | DORIS ». 2016. Consulté le avril 11. <http://doris.ffesm.fr/Especies/Bar-commun-loup3>.
- « Estimation des valeurs d'élevage, 2010, ZWS ». 2016. Consulté le août 17. http://www.bioactualites.ch/fileadmin/documents/bafr/production-animale/bovins/elevage-bovin/ZWS_10_f.pdf.
- « FAO Fisheries & Aquaculture - Cultured aquatic species fact sheets - *Dicentrarchus labrax* (Linnaeus, 1758) ». 2016. Consulté le avril 11. http://www.fao.org/fishery/culturedspecies/Dicentrarchus_labrax/fr.
- « FISHBOOST ». 2016. *FISHBOOST*. Consulté le avril 11. <http://www.fishboost.eu/>.
- « Génétique ». 2016. Consulté le juillet 12. http://www.edu.upmc.fr/sdv/masselot_05001/polymorphisme/microsatellites.html.
- « IM programs ». 2016. Consulté le août 17. <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>.
- « Journal officiel de la République française - N° 112 du 13 mai 2012 - g10516.pdf ». 2016. Consulté le août 26. <http://galateepro.agriculture.gouv.fr/docs/gal/g10516.pdf>.

- « La régression sur données de panel - panels.pdf ». 2016. Consulté le juillet 12. <http://www.cabannes.org/panels.pdf>.
- « La selection : paramètre du progres genetique,compraison des methodes disponibles.pdf ». 2016. Consulté le août 22. http://www.agroparistech.fr/svs/genere/uvf/AG/poly/AG_3.pdf.
- « Le programme FilDor : associer sélection génétique et analyse d'impact environnemental des élevages de poissons ». 2016. Consulté le août 30. <http://prodinra.inra.fr/?locale=fr#!ConsultNotice:308214>.
- « LES DIEUX DE LA STAT | Modélisation prédictive ». 2016. Consulté le mai 13. <http://www.statistique-2013.fr/03-modelisation-predictive.shtml>.
- « Les différentes méthodes de sélection - allice ». 2016. Consulté le août 26. <http://www.allice.fr/contenu-froid/de-la-selection-familiale-a-la-selection-genomique-.html>.
- « Les enjeux du phénotypage des animaux d'élevage pour la qualité des produits carnés.pdf ». 2016. Consulté le mai 13. http://www.viandesetproduitscarnes.com/phocadownload/vpc_vol_29/2963_duval_phenotypage.pdf.
- « MAI2015chiffres_cles_peche-aquaculture.pdf ». 2016. Consulté le août 28. http://www.franceagrimer.fr/content/download/38116/350781/file/MAI2015chiffres_cles_peche-aquaculture.pdf.
- Marmion, Jean-François. 2016. « Qu'est-ce que l'héritabilité ? » Sciences Humaines. Consulté le juin 2. http://www.scienceshumaines.com/qu-est-ce-que-l-heritabilite_fr_21728.html.
- Minvielle, Francis. 1990. *Principes d'amélioration génétique des animaux domestiques*. Presses Université Laval.
- « MicroScribe G Product Sheet revF.indd - MICROSCRIBE_G_KAL.pdf ». 2016. Consulté le août 26. file:///C:/Users/Utilisateur/Downloads/MICROSCRIBE_G_KAL.pdf.
- « morphometrics for Anisakiasis diagnosis in the north Atlantic horse mackerel (Trachurus trachurus).pdf ». 2016. Consulté le mai 3. http://scientia.zooparaz.net/2012_13_02/sp2012-077-081-Soric.pdf.
- « Prediction of fillet weight and yield for Indian spiny halibut, Psettodes erumei - admin-A-10-1-107-0765687.pdf ». 2016. Consulté le avril 11. http://www.jifro.ir/files/site1/user_files_eb12be/eng/admin-A-10-1-107-0765687.pdf.
- « Prosper+/Qualitytruite : Evaluation et amélioration de la procédure de sélection PROSPER: optimisation des méthodes actuelles et introduction d'indexations sur collatéraux sur des critères de qualité. » 2016. Consulté le août 28. <http://prodinra.inra.fr/?locale=fr#!ConsultNotice:7636>.
- « Sélection massale : avantages et inconvénients 2 ». 2016. Consulté le août 26. <http://www.agroparistech.fr/svs/genere/uvf/AG/evalrepro/selmass/masavin2.htm>.
- « Synthèse des informations disponibles sur le Bar : flottilles, captures, marché - 11879.pdf ». 2016. Consulté le août 28. <http://archimer.ifremer.fr/doc/00035/14577/11879.pdf>.
- « Taux de croissance instantanée : définition ». 2016. AquaPortail. Consulté le août 8. <https://www.aquaportail.com/definition-6434-taux-de-croissance-instantanee.html>.
- « Understanding EBV's ». 2016. Consulté le août 17. http://abri.une.edu.au/online/pages/understanding_ebvs_ukbl.htm.
- « vce6-manual-3.1-A4.pdf ». 2016. Consulté le août 12. <ftp://ftp.tzv.fal.de/pub/vce6/doc/vce6-manual-3.1-A4.pdf>.

Annexe I : Eléments zootechniques relatif à l'élevage

	Aliments	taille aliment	Composition (protéine et matière grasse)	Marque	quantité (kg)	Taille bassin	TCJ
1^{er} période (2 mois)	Néo Start, semi flottant	3 mm	47-18%	Le Gouessant	59	10m3	4,12%
2^{ème} période	Néo Start, semi flottant	3mm	47-18%	Le Gouessant	550,3		41%
	Efico YM	4 mm	42-21%	BioMar			
	Neo Grower , extra marin flottant	4 mm	42-20%	Le Gouessant			
période intermédiaire	Neo Grower extra marin flottant	5 mm	42-20%	Le Gouessant	135,18		0%
	Efico YM	4,5 mm	42-21%	BioMar			

A chaque étape les animaux sont nourris grâce à des « self feeders », nourrisseurs où les poissons tapent dans une tige pour se nourrir tout seul.

La température moyenne d'élevage dans les bassins est de 16,6°C, la mortalité de 18,99%.

Annexe II : Mesures échographiques réalisées lors du chantier de mesures

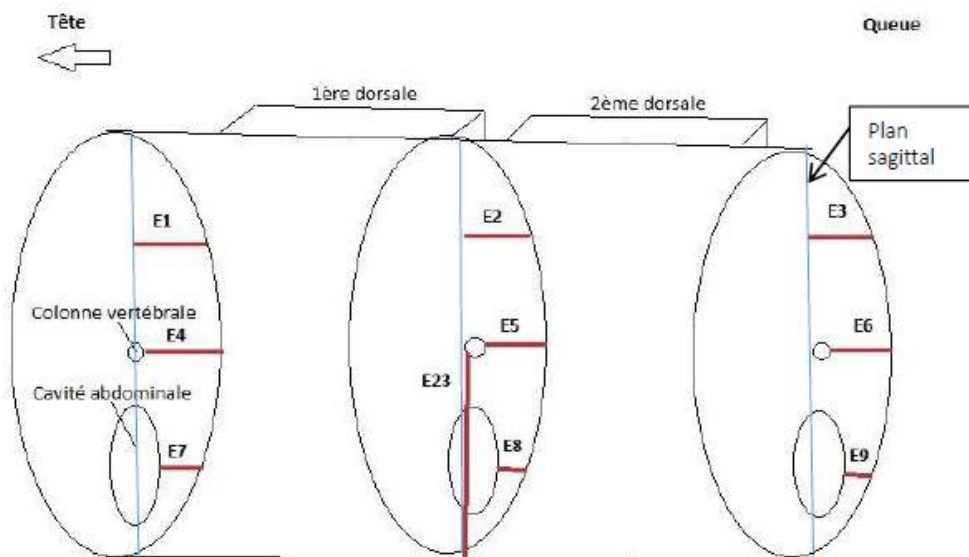


Figure XXIV : Schéma représentant les différentes échographies réalisées. E1: Echo 1 = Profondeur du muscle dorsal antérieur; E2: Echo 2 = Muscle dorsal intermédiaire; E3: Echo 3 = Muscle dorsal postérieur; E4: Echo 4 = Muscle latéral antérieur; E5: Echo 5 = Muscle latéral intermédiaire; E6: Echo 6 = Muscle latéral postérieur; E7: Echo 7 = Muscle abdominal antérieur; E8: Echo 8 = Muscle abdominal intermédiaire; E9: Echo 9 = Muscle abdominal postérieur; E23: Echo 23 = Profondeur de la cavité abdominale

Annexe III : Définition des 16 points remarquables des coordonnées 3D

Tableau XIX : Description des 29 points remarquables des données 3D

Numéro du point	Description du point
1	Extrémité museau
2	Fin tête début filet dos
3	Intersection ligne latérale tête
4	Extrémité opercule
5	Fin tête début filet ventre
6	Début nageoire dorsale 1
7	Intersection ligne latérale aplomb 6
8	Intersection paroi ventrale aplomb 6
9	Début 2eme dorsale
10	Intersection ligne latérale aplomb 9
11	Intersection paroi ventrale aplomb 9
12	Anus
13	Fin nageoire anale
14	Intersection ligne latérale aplomb 13
15	Intersection dos aplomb 14
16	Fourche nageoire caudale (point z=0)

Annexe IV: Définition des 29 points remarquables des coordonnées 2D

Tableau XX : Descriptions des 29 points remarquables

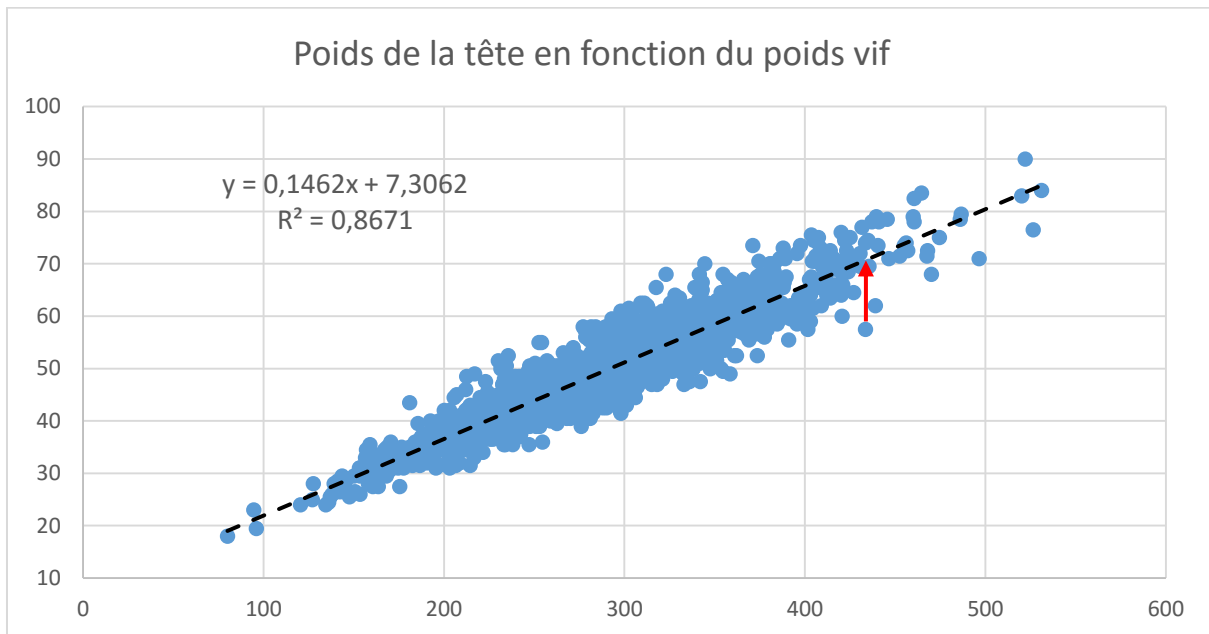
N°	Description (vue latérale)
1	Extrémité du museau
2	Haut de l'œil
3	Bas de l'œil
4	Point de jonction entre la fin du cartilage (fin de la tête) et le début du filet (début du dos)
5	Point d'intersection entre la ligne latérale et la tête
6	Point de l'opercule le plus éloigné du museau
7	Point de jonction entre la fin de la tête et le début de la cavité abdominale (début du ventre)
8	Extrémité de la lèvre
9	Point d'attache supérieure de la nageoire pectorale
10	Point d'attache inférieure de la nageoire pectorale
11	Base avant de la nageoire ventrale
12	Base avant de la première nageoire dorsale
13	Point d'intersection entre la verticale au point 12 et la ligne latérale
14	Point d'intersection entre la verticale au point 12 et le ventre
15	Fin de la première nageoire dorsale
16	Point d'intersection entre la verticale au point 15 et la ligne latérale
17	Point d'intersection entre la verticale au point 15 et le ventre
18	Base avant de la deuxième nageoire dorsale
19	Point d'intersection entre la verticale au point 18 et la ligne latérale
20	Point d'intersection entre la verticale au point 18 et le ventre
21	Anus
22	Fin de la deuxième nageoire dorsale
23	Point d'intersection entre la verticale au point 22 et la ligne latérale
24	Point d'intersection entre la verticale au point 22 et le ventre
25	Base arrière de la nageoire anale
26	Début dorsale de la caudale
27	Point d'intersection entre la verticale au point 26 et la ligne latérale
28	Début ventrale de la caudale
29	Milieu de l'extrémité la caudale

Annexe V : Représentation graphique d'un résidu et équations

a) Représentation graphique

La flèche rouge représente l'écart à la régression du poids de la tête en fonction du poids vif, soit un résidu.

Les résidus de l'ensemble de la population ont été calculés, sur ce modèle, pour l'ensemble des différentes parties soit la tête, le filet, la carcasse et la carcasse étêtée.



b) Equations des résidus obtenus

b.1) Tête

Log poids de la tête = f(log du poids vif)

$$y = 0,8396x - 0,371$$

$$R^2 = 0,8769$$

b.2) Filet

Log poids du filet = f(log du poids vif)

$$y = 1,0272x - 0,3$$

$$R^2 = 0,9894$$

b.3) Carcasse

Log poids de la carcasse = f(log du poids vif)

$$y = 0,9733x + 0,0155$$

$$R^2 = 0,9945$$

b.4) Carcasse étêtée

Log poids de la carcasse étêtée = f(log du poids vif)

$$y = 1,0064x - 0,1592$$

$$R^2 = 0,9948$$

Annexe VI : Résultats graphiques des méthodes discriminantes 2D

a) Rendement en tête

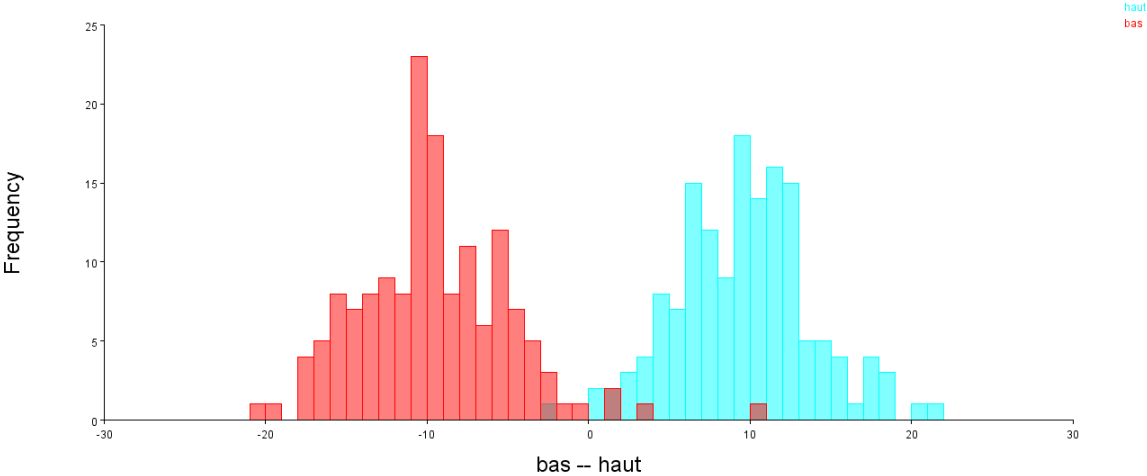


Figure XXV : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement en tête, méthode 2D

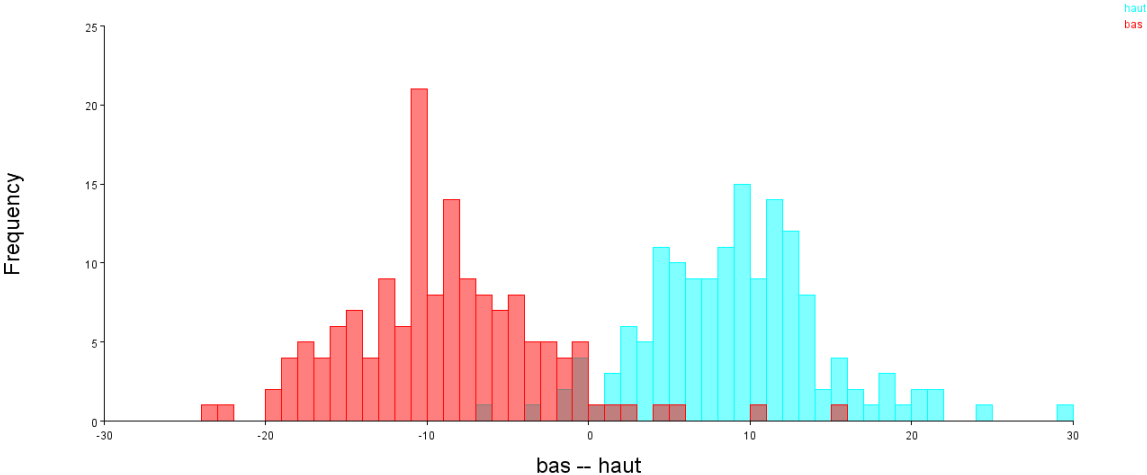


Figure XXVI : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement en tête, méthode 2D

b) Rendement en filet

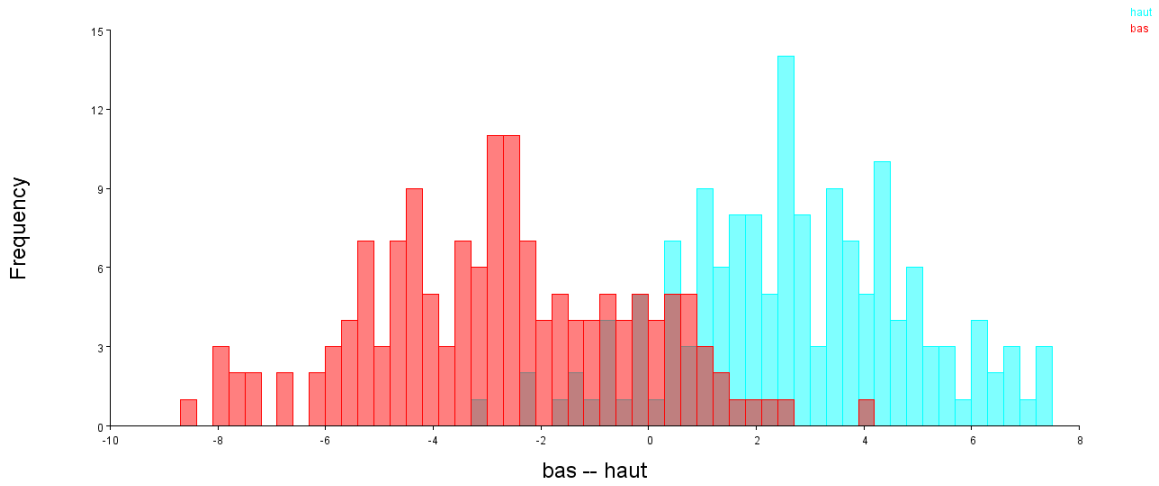


Figure XXVII : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement filet, méthode 2D

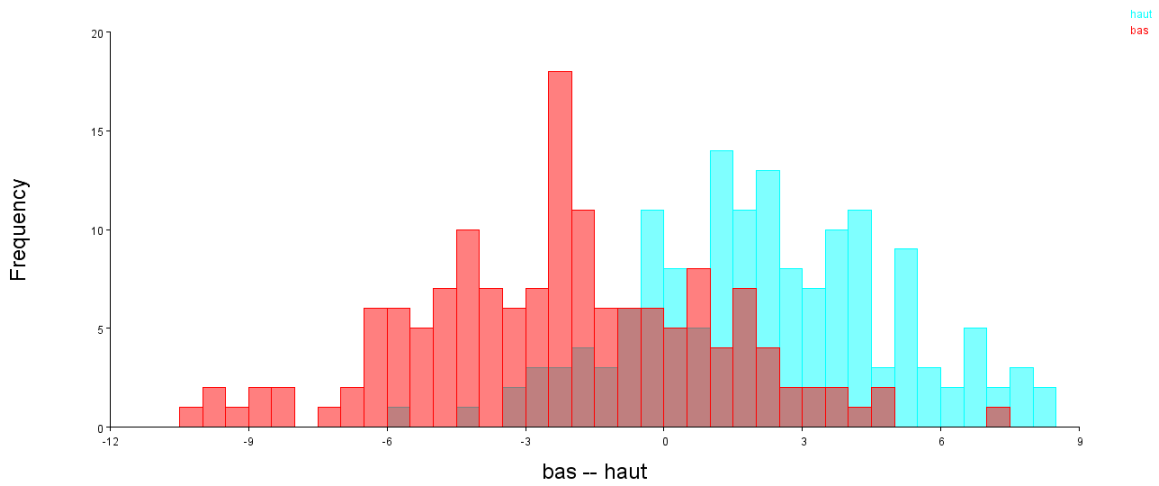


Figure XXVIII : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement filet, méthode 2D

c) Rendement en carcasse

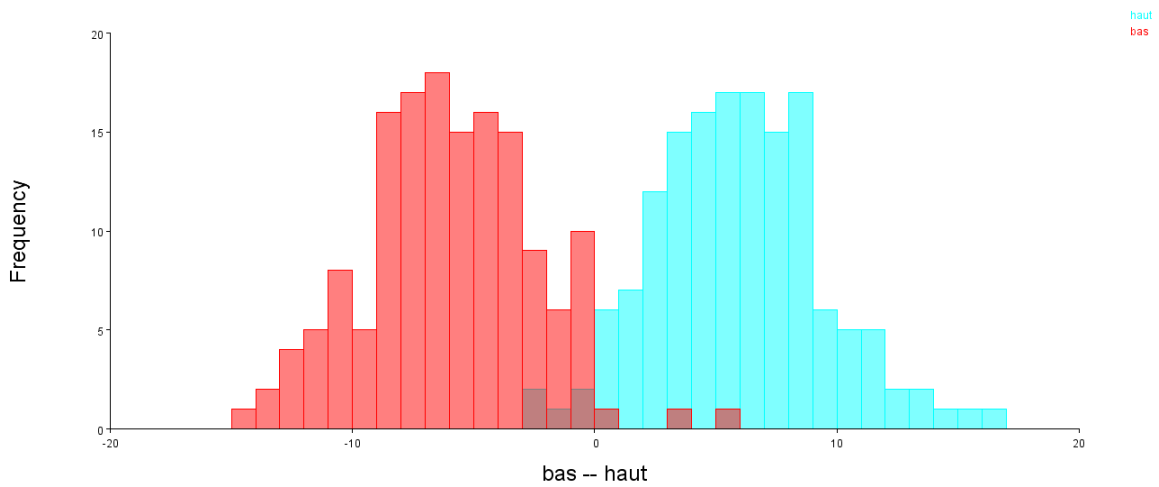


Figure XXIX : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse, méthode 2D

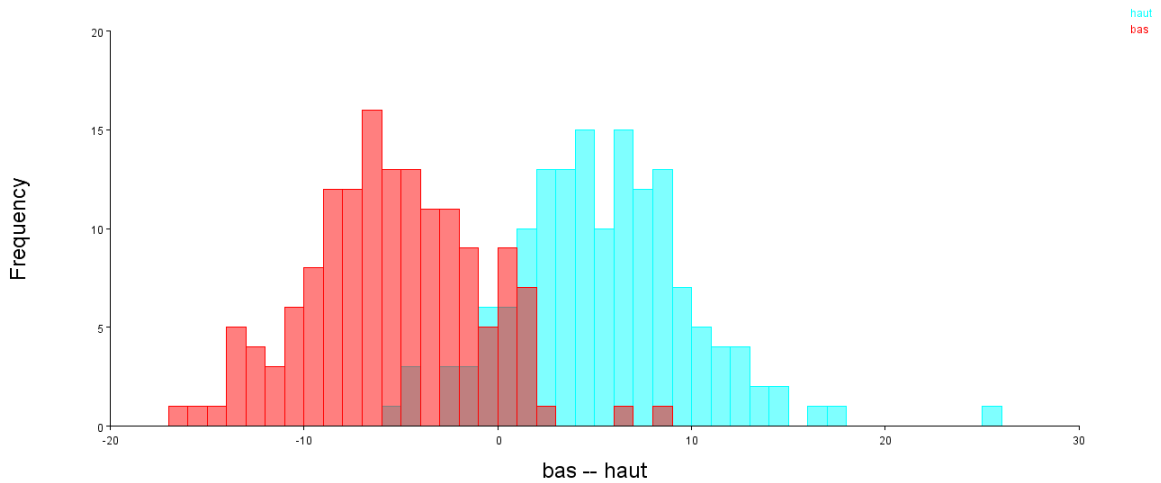


Figure XXX : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse, méthode 2D

d) Rendement en carcasse étêtée

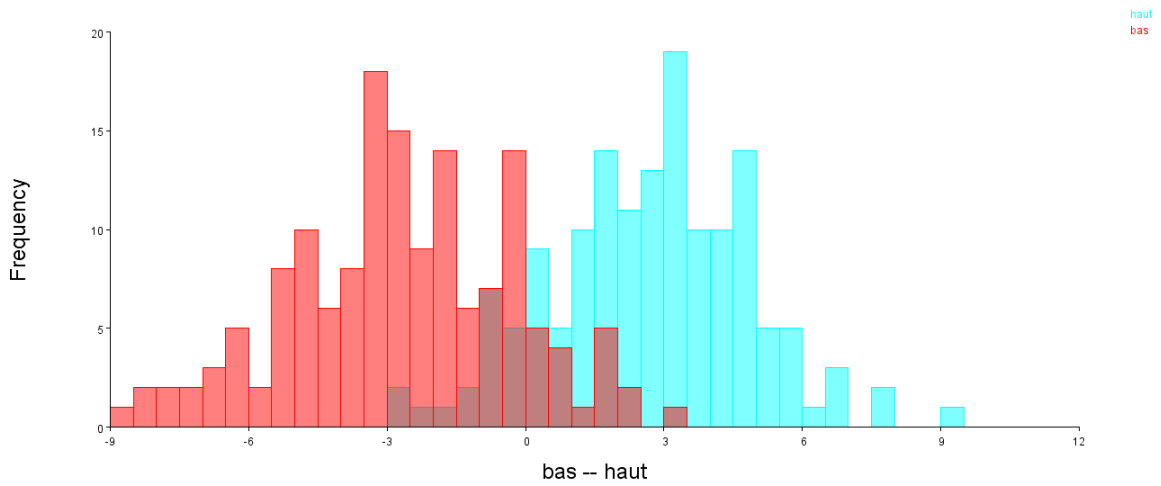


Figure XXXI : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse étêtée, méthode 2D

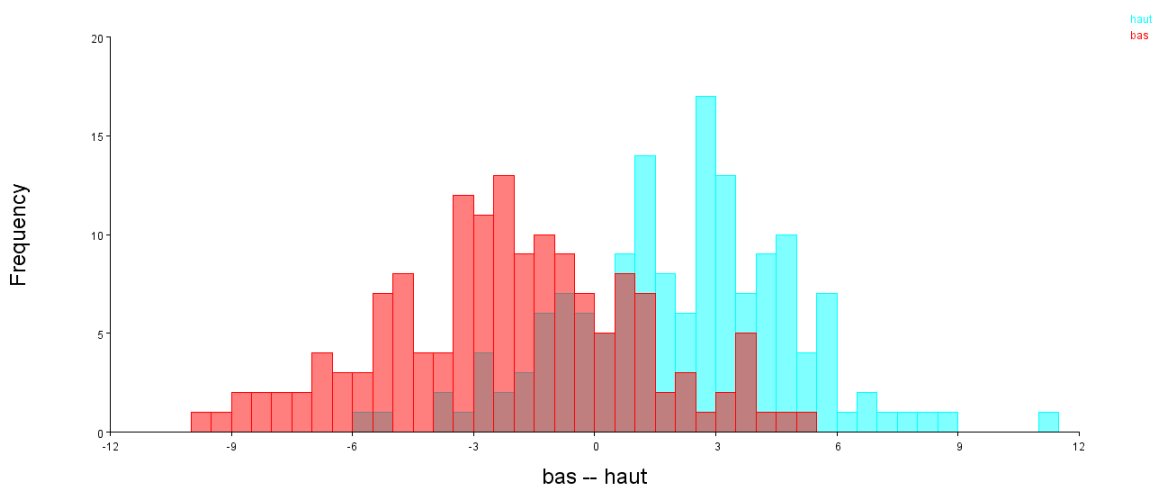


Figure XXXII : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse étêtée, méthode 2D

Annexe VII : Résultats graphiques des méthodes discriminantes 3D

a) Rendement en tête

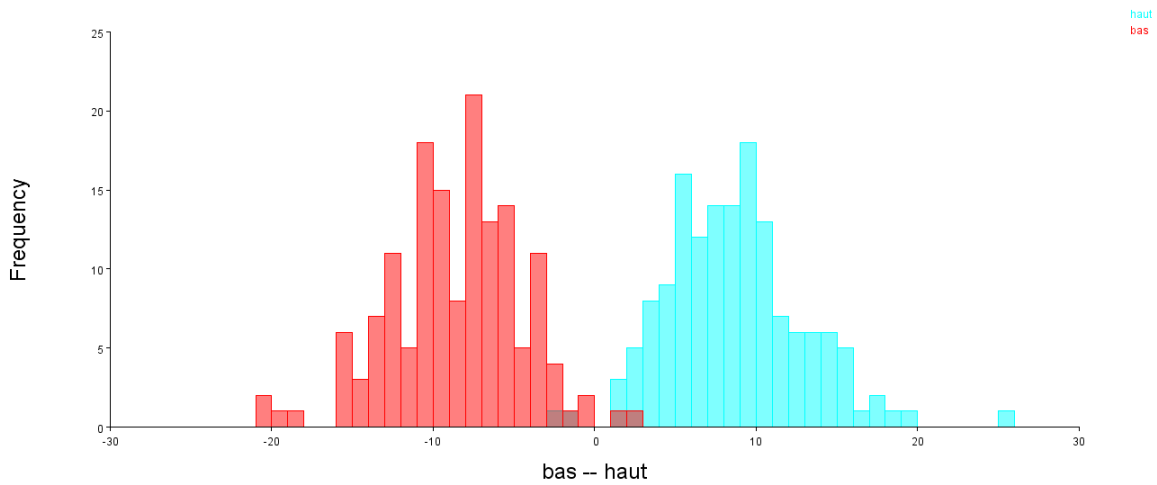


Figure XXXIII : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement en tête, méthode 3D

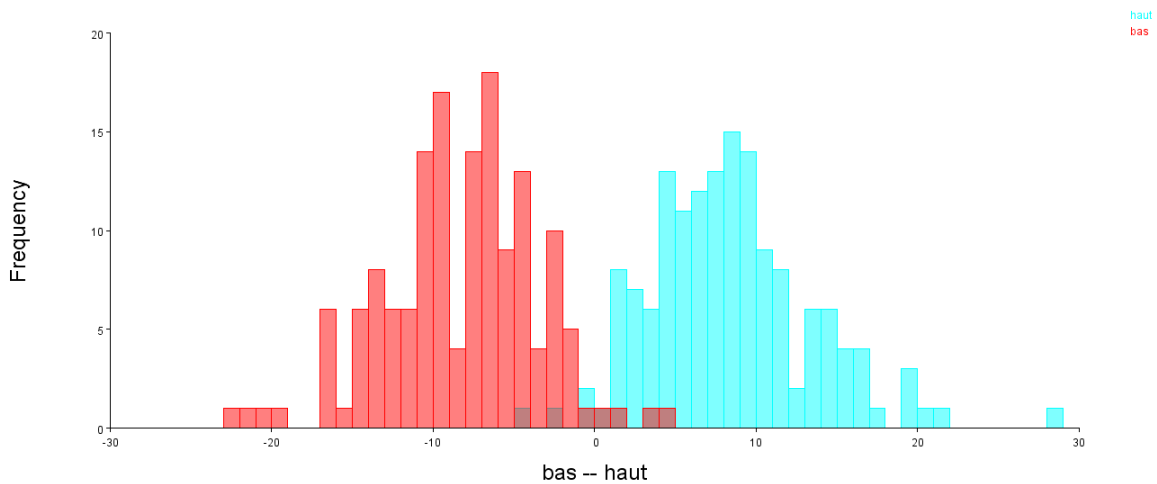


Figure XXXIV : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement en tête, méthode 3D

Tableau XXI : Tableau statistique de la discrimination entre les hauts et bas rendements en tête, méthode 3D

Classification/misclassification tables				
Group 1: bas				
Group 2: haut				
From discriminant function:				
True	Allocated to			
Group	Group 1	Group 2	Total	
Group 1	148	2	150	
Group 2	2	148	150	
From cross-validation:				
True	Allocated to			
Group	Group 1	Group 2	Total	
Group 1	146	4	150	
Group 2	4	146	150	

b) Rendement en filet

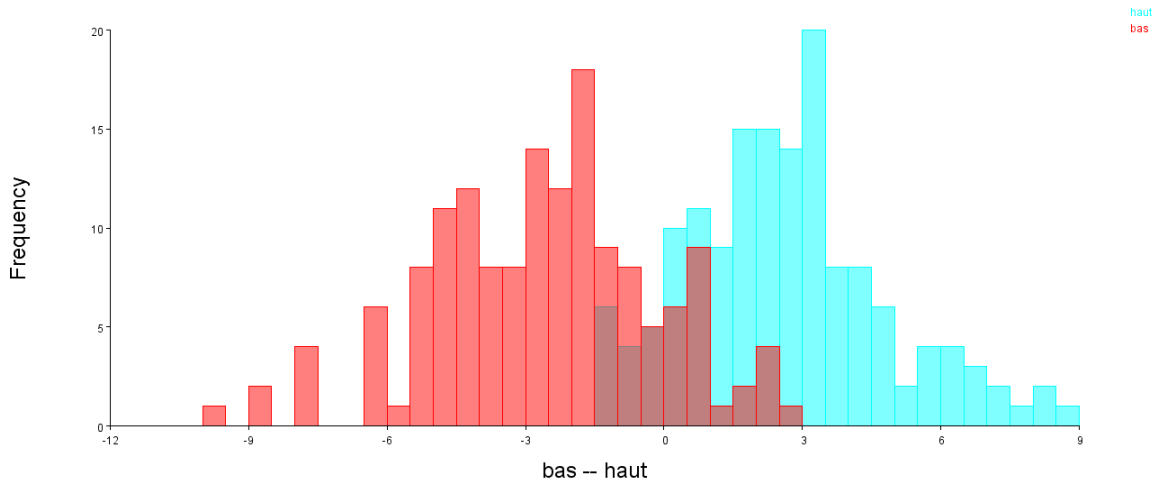


Figure XXXV : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement filet, méthode 3D

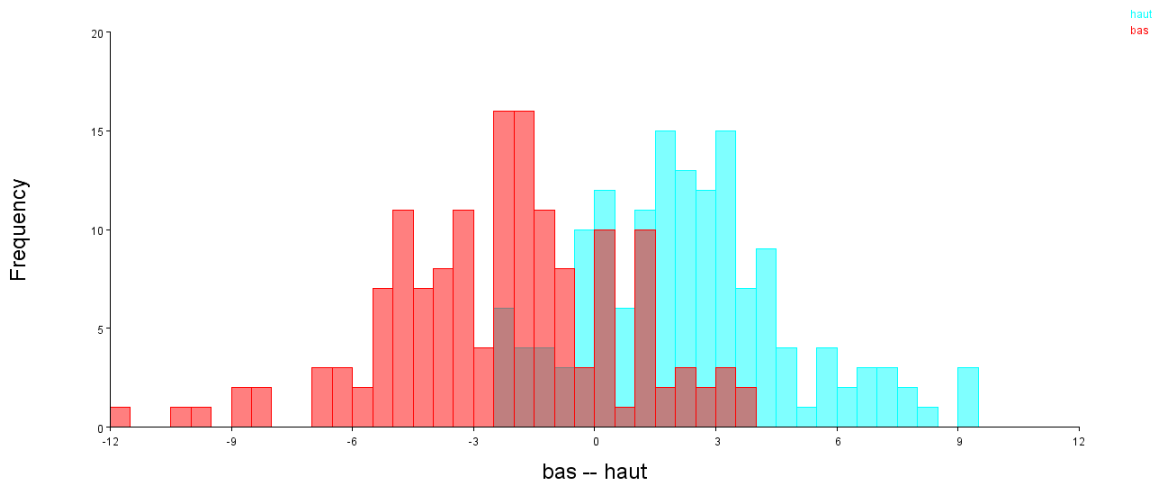


Figure XXXVI : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement filet, méthode 3D

Tableau XXII : Tableau statistique de la discrimination entre les hauts et bas rendements filet, méthode 3D

Classification/misclassification tables			
Group 1: bas			
Group 2: haut			
From discriminant function:			
True	Allocated to		
Group	Group 1	Group 2	Total
Group 1	127	23	150
Group 2	15	135	150
From cross-validation:			
True	Allocated to		
Group	Group 1	Group 2	Total
Group 1	117	33	150
Group 2	27	123	150

c) Rendement en carcasse

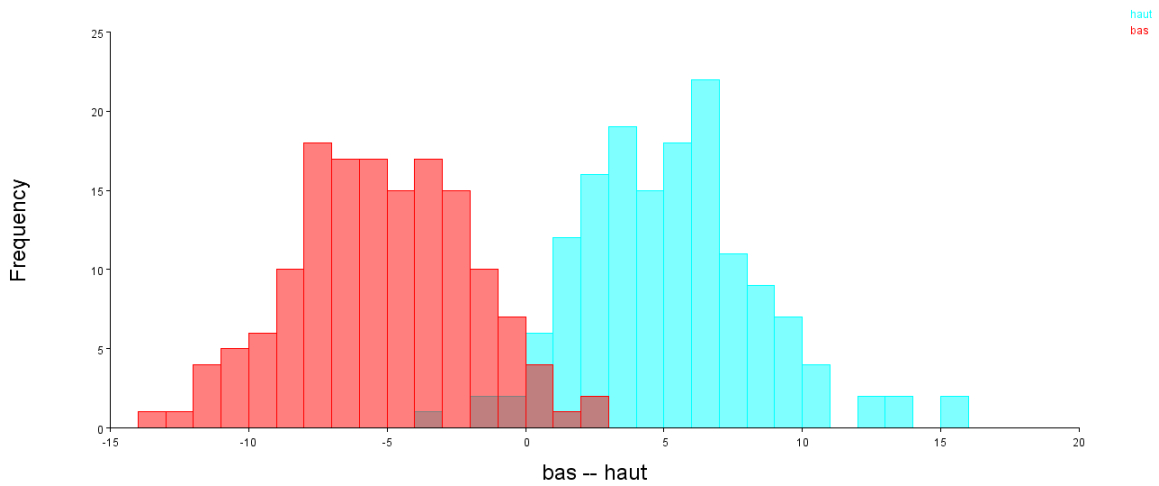


Figure XXXVII : Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse, méthode 3D

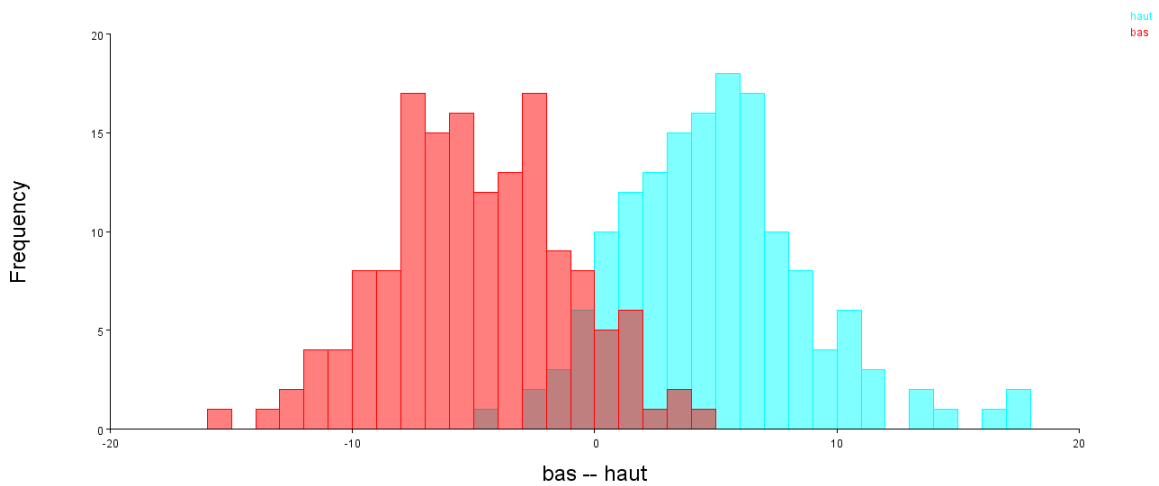


Figure XXXVIII : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse, méthode 3D

Tableau XXIII : Tableau statistique de la discrimination entre les hauts et bas rendements carcasse, méthode 3D

Classification/misclassification tables			
Group 1: bas			
Group 2: haut			
From discriminant function:			
True	Allocated to		
Group	Group 1	Group 2	Total
Group 1	143	7	150
Group 2	5	145	150
From cross-validation:			
True	Allocated to		
Group	Group 1	Group 2	Total
Group 1	135	15	150
Group 2	12	138	150

d) Rendement en carcasse étêtée

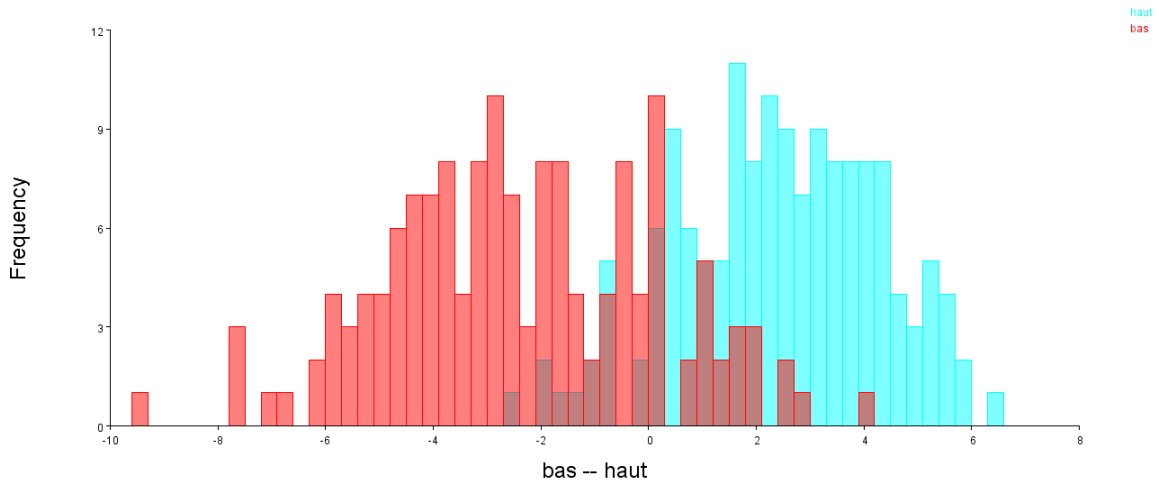


Figure XXXIX: Graphique discriminant des hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse étêtée, méthode 3D

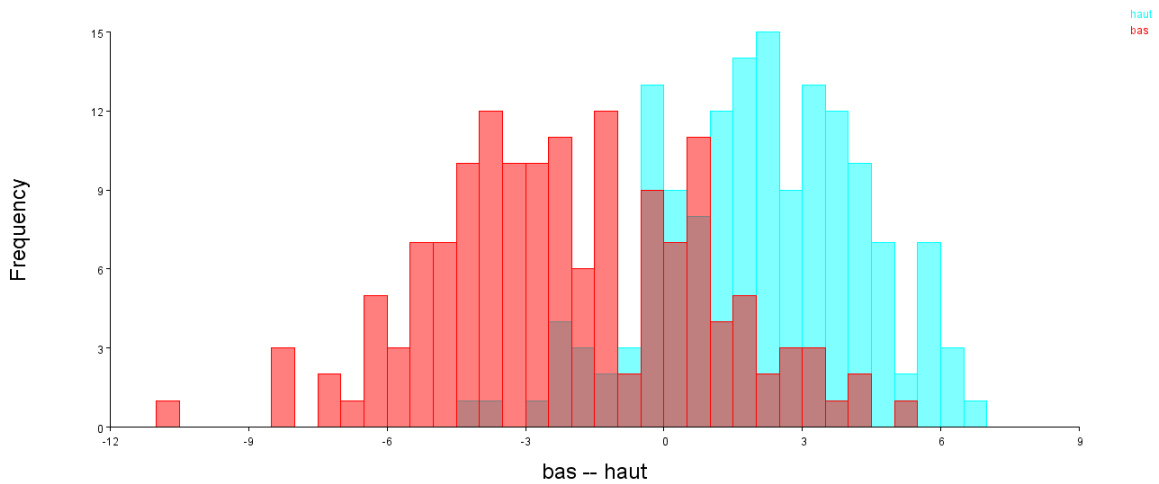


Figure XL : Graphique résultant de la cross-validation des individus extrêmes a hauts (bleu) et bas (rouge) rendement carcasse étêtée, méthode 3D

Tableau XXIV : Tableau statistique de la discrimination entre les hauts et bas rendements carcasse étêtée, méthode 3D

Classification/misclassification tables			
Group 1: bas			
Group 2: haut			
From discriminant function:			
True	Allocated to		
Group	Group 1	Group 2	Total
Group 1	121	29	150
Group 2	14	136	150
From cross-validation:			
True	Allocated to		
Group	Group 1	Group 2	Total
Group 1	111	39	150
Group 2	28	122	150

Annexe VIII : Définitions utiles en génétique quantitative

Les paramètres génétiques de cette étude sont l'héritabilité et les corrélations génétiques. Toute performance phénotypique (P) peut être définie comme la somme d'un effet génétique (G) et d'un effet lié à l'environnement d'élevage (E).

$$P = G + E$$

Sachant que :

$$G = A + D + I \quad \text{avec } A = \text{valeur additive}$$

D = valeur de dominance

I = valeur liée aux interactions

a) L'héritabilité

L'héritabilité (h^2) est une donnée statistique évaluant la part de la supériorité génétique d'une population pour un caractère qui est transmissible aux descendants. Elle se définit comme suit :

$$h^2 = \frac{V(A)}{V(P)} \quad \text{avec } 0 < h^2 < 1$$

ou $V(A)$ correspond à la variance génétique additive et $V(P)$ à la variance phénotypique.

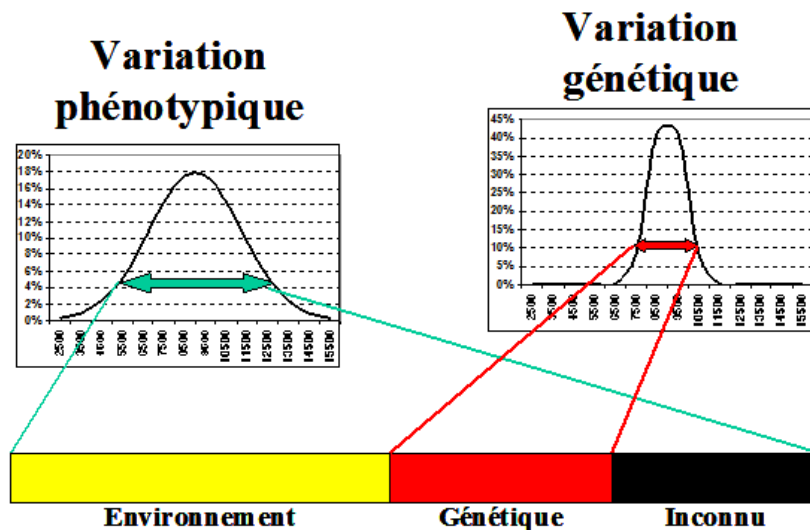


Figure 1 : Décomposition de la variance phénotypique pour obtenir la variance génétique

En génétique animale quantitative, si $h^2 > 0,4$ on peut réaliser une sélection des animaux suivant leurs performances propres ou celles de leurs descendants. (Falconer 1974)

On dit en générale que $h^2 < 0,2$ = hérabilité faible → caractère très peu influencé par la génétique et son amélioration par la sélection sera difficile car il existe très peu de variabilité génétique dans la population. On considère la sélection quasi irréalisable

$0,2 < h^2 < 0,3$ = hérabilité modérée → le caractère est influencé modérément par la génétique. Il est possible de différencier les animaux sur la base de leur potentiel génétique. Le progrès génétique est possible mais il sera lent. Il faudra certainement plusieurs générations d'animaux pour provoquer une amélioration sensible du caractère.

$h^2 > 0,4$ = hérabilité forte → les animaux à haut potentiel seront facilement ciblé dans la population et le progrès génétique escompter sera rapide.

b) La corrélation génétique

La corrélation génétique : caractérise la liaison entre les valeurs génétiques des individus pour chaque caractère. Elle varie de -1 à 1. Plus sa valeur absolue est élevée plus la liaison est forte. Le signe « + » indique une évolution dans le même sens de ces deux caractères, le signe « - » une évolution contraire.

c) La sélection

Correspond au choix de reproducteurs dans une population animale à améliorer en vue d'une production accrue. Il existe plusieurs types de sélection :

Sélection massale: consiste à sélectionner les poissons sur leurs propres performances.

Sélection familiale: consiste à sélectionner les poissons sur les performances moyennes de leurs familles.

Sélection généalogique : Consiste à sélectionner des candidats en prenant en compte l'ensemble des performances connues sur eux même et leurs apparentés sur l'ensemble des générations connues à l'aide d'un modèle animal linéaire mixte intégrant les effets fixes et aléatoires connus.

Annexe IX : Tableau des différences valeurs d'intensité de sélection

Tableau XXV : Intensité de sélection (*i*) et seuil de détection (*x*) en fonction de la proportion d'individus retenus pour la reproduction (*p*, exprimé en pourcentage). Les valeurs de *x* pour *p*>50% s'obtiennent par symétrie

<i>p</i> (%)	<i>i</i>	<i>x</i>	<i>p</i> (%)	<i>i</i>	<i>x</i>	<i>p</i> (%)	<i>i</i>	<i>x</i>
0,01	3,958	3,719	11	1,710	1,226	41	0,948	0,227
0,02	3,789	3,540	12	1,667	1,175	42	0,931	0,202
0,03	3,687	3,432	13	1,628	1,126	43	0,914	0,176
0,04	3,613	3,353	14	1,590	1,080	44	0,896	0,151
0,05	3,555	3,290	15	1,555	1,036	45	0,880	0,125
0,06	3,506	3,239	16	1,521	0,994	46	0,863	0,100
0,07	3,465	3,195	17	1,489	0,954	47	0,846	0,075
0,08	3,429	3,156	18	1,458	0,915	48	0,830	0,050
0,09	3,397	3,121	19	1,428	0,878	49	0,814	0,025
			20	1,400	0,841	50	0,798	0,000
0,1	3,368	3,090	21	1,373	0,806			
0,2	3,171	2,878	22	1,346	0,772	51	0,782	
0,3	3,050	2,748	23	1,320	0,739	52	0,766	
0,4	2,962	2,652	24	1,295	0,706	53	0,751	
0,5	2,893	2,576	25	1,271	0,674	54	0,735	
0,6	2,834	2,512	26	1,248	0,643	55	0,720	
0,7	2,784	2,457	27	1,225	0,613	56	0,704	
0,8	2,741	2,409	28	1,202	0,583	57	0,689	
0,9	2,701	2,366	29	1,181	0,553	58	0,674	
			30	1,159	0,524	59	0,659	
1	2,666	2,326	31	1,138	0,496	60	0,644	
2	2,421	2,054	32	1,118	0,467			
3	2,269	1,881	33	1,098	0,440	65	0,570	
4	2,155	1,751	34	1,078	0,412	70	0,497	
5	2,063	1,645	35	1,058	0,385	75	0,424	
6	1,986	1,555	36	1,039	0,358	80	0,350	
7	1,918	1,476	37	1,021	0,332	85	0,274	
8	1,859	1,405	38	1,002	0,305	90	0,195	
9	1,805	1,341	39	0,984	0,279	95	0,109	
10	1,755	1,281	40	0,966	0,253	100	0,000	

(« La sélection : paramètre du progrès génétique, comparaison des méthodes disponibles.pdf » 2016)

$$\text{Sachant que : } i \text{ (intensités de sélection)} = \frac{S}{\sigma p}$$

Avec S = différentielle de sélection (μ candidats de sélection - μ population totale) et σ_p = écart type phénotypique

Annexe X : Libellés des variables utilisées dans les modèles prédictifs

	2D	3D
H2	Hauteur 12-14	Hauteur 6-8
H3	Hauteur 15-17	
H4	Hauteur 18-20	Hauteur 9-11
H5	Hauteur 22-24	Hauteur 15-13
H7	Hauteur 13-12	Hauteur 6-7
H8	Hauteur 15-16	
H10	Hauteur 22-23	Hauteur 15-14
H12	Hauteur 33_17	
H13	Hauteur 33-15	
H14	Hauteur 13-14	
Ht	Hauteur tête 7-4	Hauteur tête 5-2
Ltot	Longueur total 1-29	longueur total 1-16
L2	L15-18	
L3	L1-7	L1-5
L4	L7-14	L5-8
L5	L1-30	
L7	L6-27	L4-14
L8	L1-6 longueur tête	L1-4 longueur tête
Vtot		Volume total
V1		Volume ventre
V2		Volume tête
V3		Volume dos
V5		Volume caudale
At	Aire tête	
Ad	Aire dos	
Av	Aire ventre	
Atot	Aire total	
Pv	Poids vif	
Echo8	Epaisseur de la paroi musculaire abdominale à l'aplomb de la nageoire dorsale à la rupture de pente entre l'extrémité inférieure des arêtes ventrales et le muscle	
Echo23	Profondeur viscérale ne comprenant pas la moelle épinière intermédiaire	
K	Coefficient de condition	
Ellipticité 1	$(H-T)/(H+T)$ avec H = H4 et T = Echo 5	
Ellipticité 2	$(L-H)/(L+H)$ avec H = H4 et L = (L7+L8)	
Ellipticité 3	$(L-T)/(L+T)$ avec L = (L7+L8) et T = Echo5	
Surface	$\pi^2/2L^2/2H$ avec L = (L7+L8) et H = H4	
Demi_hauteur_bas_milieu_dos	H12	
Demi_hauteur_haut_milieu_dos	H13	
Demi_hauteur_haut_début_dos	H7	
Demi_hauteur_bas_debut_dos	H14	

Annexe XI : Seconds modèles retenus

a) Tête Modèle 2

	Variables retenues	Description
X1	L7/Pv	Longueur du filet pondéré par le poids vif
X2	L2/L7	Longueur entre les deux nageoires dorsales pondérée par la longueur du filet
X3	V1/Pv	Volume du ventre pondéré par le poids vif
X4	At/Pv	Aire de la tête pondérée par le poids vif
X5	V2/Pv	Volume de la tête pondéré par le poids vif
X6	L4/L3	Rapport de longueur de l'avant du poisson
X7	K	Coefficient de condition
X8	At/Atot	Air de la tête pondérée par l'air totale
Modèle de régression $R^2=62.68$ $F=292.2$ $\epsilon=0.02$		
Résidus tête = $-0,10373564 + X1*(-2,48584987) + X2*(-0,04810688) + X3*(-0,00054299) + X4*2,61206019 + X5*0,00178201 + X6*0,04272375 + X7*(-0,00010398) + X8*1,18615035$		

b) Filet Modèle 2

	Variables retenues	Description
X1	V1/Pv	Volume du ventre pondéré par le poids vif
X2	V3/Pv	Volume du dos pondéré par le poids vif
X3	At/Pv	Aire de la tête pondérée par le poids vif
X4	Périmètre dos	Périmètre du dos
X5	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X6	At/Atot	Air de la tête pondérée par l'air totale
X7	Av/Atot	Air ventral pondéré par l'air total
X8	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur totale
X9	L7/Pv	Longueur du filet pondéré par le poids vif
X10	K	Coefficient de condition
X11	L4/L3	Rapport de longueur de l'avant du poisson
Modèle de régression $R^2=14.3$ $F=21.08$ $\epsilon=0.01$		
Résidus filet = $0,10508587 + X1*0,00022094 + X2*0,00038618 + X3*(-1,80474724) + X4*(-0,00085409) + X5*0,02366624 + X6*0,58601522 + X7*(-0,15083366) + X8*(-0,23207362) + X9*0,74230996 + X10*(-6,7439E-07) + X11*(-0,00401494)$		

c) Carcasse Modèle 2

	Variables retenues	Description
X1	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X2	Av/Atot	Aire du ventre pondéré par l'aire totale
X3	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur totale
X4	K	Coefficient de condition
X5	L8/Ltot	Longueur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
Modèle de régression $R^2=37.6$ $F=168.1$ $\epsilon=0.01$		
Résidus carcasse = $0,00277862 + X1*0,01749459 + X2*(-0,09198148) + X3*0,25365827 + X4*(-3,7888E-05) + X5*0,16111563$		

d) Carcasse étêtée Modèle 2

	Variables retenues	Description
X1	Ht/H2	Hauteur de la tête pondérée par hauteur à la première nageoire dorsale
X2	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X3	At/Atot	Aire de la tête sur aire totale
X4	K	Coefficient de condition
X5	Av/Atot	Air ventral pondéré par l'air total
X6	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur totale
Modèle de régression $R^2=16.65$ $F=46.41$ $\epsilon=0.01$		
Résidus carcasse étêtée = $0,03938531 + X1*0,16808492 + X2*0,02344968 + X3*(-0,25823188) + X4*3,3588E-05 + X5*(-0,14037788) + X6*(-0,64644592)$		

Annexe XII : Modèles 3D volume

a) Modèle prédictif des résidus en tête 3D volume

	Variables retenues	Description
X1	V1/Pv	Volume du ventre pondéré par le poids vif
X2	V2/Pv	Volume de la tête pondéré par le poids vif
X3	K	Coefficient de condition
X4	L4/L3	Rapport de longueur de l'avant du poisson
X5	L7/Pv	Longueur du filet pondéré par le poids vif
X6	V2/Vtot	Volume de la tête pondéré par le poids vif
Modèle de régression R ² = 43.22% F= 179.9 ε=0.02		
Résidus en tête = 0,23100442 + X1*(-0,00051099) + X2*(-0,00223814) + X3*(-0,00017091) + X4*(-0,03250946) + X5*(-1,63463972) + X6*1,89351628		

b) Modèle prédictif des résidus en filet 3D volume

	Variables retenues	Description
X1	V1/Pv	Volume du ventre pondéré par le poids vif
X2	V3/Pv	Volume du dos pondéré par le poids vif
X3	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X4	V1/Vtot	Volume du ventre pondéré par le volume total
X5	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
X6	L7/Ltot	Longueur de filet pondéré par la longueur à la fourche
X7	Vt/Vtot	Volume de la tête pondéré par le volume total
X8	Vt/Pv	Volume de la tête pondéré par le poids vif
Modèle de régression R ² =8.88% F=16.96 ε=0.01		
Résidus filet = 0,02028938 + X1*(-0,00171539) + X2*0,00040587 + X3*0,02531639 + X4*0,53621574 + X5*(-0,21441247) + X6*0,10640226 + X7*(-1,10424661) + X8*0,00345944		

c) Modèle prédictif des résidus en carcasse 3D volume

	Variables retenues	Description
X1	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X2	V1/Vtot	Volume du ventre pondéré par le volume total
X3	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
X4	V2/Pv	Volume de la tête pondéré par le poids vif
X5	K	Coefficient de condition
X6	L8/Ltot	Longueur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
Modèle de régression R ² =37.8% F=212 ε=0.01		
Résidus carcasse = (-0,06188367) + X1*0,01688064 + X2*0,00151061 + X3*0,02567874 + X4*0,00028767 + X5*(-4,1043E-05) + X6*0,35848139		

d) *Modèle prédictif des résidus en carcasse étêtée 3D volume*

	Variables retenues	Description
X1	Ht/H2	Hauteur de la tête pondérée par la hauteur avant la première nageoire dorsale
X2	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X3	Vt/Vtot	Volume de la tête pondérée par le volume totale
X4	K	Coefficient de condition
X5	V1/Vtot	Volume ventral pondéré par le volume total
X6	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
X7	H7/H2	Hauteur du dos avant la première nageoire dorsale pondérée la hauteur de la première nageoire ventrale à la première nageoire dorsale
Modèle de régression $R^2=10.94\%$ $F=28.55$ $\epsilon=0.11$		
Résidus carcasse étêtée = $(-0,05593096) + X1*0,10040197 + X2*0,01998428 + X3*(-0,10653194) + X4*1,4185E-05 + X5*0,01010017 + X6*(-0,37698662) + X7*0,06871633$		

Annexe XIII : Modèles 3D surface

a) Modèle prédictif des résidus en tête 3D surface

	Variables retenues	Description
X1	L7/Pv	Longueur du filet pondéré par le poids vif
X2	At/Pv	Aire de la tête pondérée par le poids vif
X3	L4/L3	Rapport de longueur de l'avant du poisson
X4	K	Coefficient de condition
X5	At/Atot	Aire de la tête pondérée par l'aire totale
Modèle de régression R ² =60.73% F=431.5 ε=0.021		
Résidus en tête = (-0,20157329) + X1 *(-2,97575257) + X2 *0,00889911 + X3 *0,04259794 + X4 *(-0,00014248) + X5 *2,74093866		

b) Modèle prédictif des résidus en filet 3D surface

	Variables retenues	Description
X1	At/Pv	Aire de la tête pondérée par le poids vif
X2	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X3	At/Atot	Aire de la tête pondérée par l'aire totale
X4	Av/Atot	Aire du ventre pondéré par l'aire totale
X5	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
X6	L7/Ltot	Longueur de filet pondéré par la longueur à la fourche
X7	Ad/Pv	Aire du dos pondéré par le poids vif
X8	Av/Pv	Aire du ventre pondéré par le poids vif
Modèle de régression R ² =11.4% F=25.62 ε=0.11		
Résidus filet = (-0,00934371) + X1 *(-0,01820585) + X2 *0,02467711 + X3 *1,53296387 + X4 *(-0,56835273) + X5 *(-0,0816829) + X6 *0,44534022 + X7 *0,29745907 + X8 *0,46664965		

c) Modèle prédictif des résidus en carcasse 3D surface

	Variables retenues	Description
X1	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X2	Av/Atot	Aire du ventre pondéré par l'aire totale
X3	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
X4	K	Coefficient de condition
X5	L8/Ltot	Longueur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
Modèle de régression R ² =39.09% F=179.1 ε=0.01		
Résidus carcasse = (-0,04958722) + X1 *0,01842879 + X2 *(-0,05368904) + X3 *0,21162914 + X4 *(-4,6974E-05) + X5 *0,3075379		

d) *Modèle prédictif des résidus en carcasse étêtée 3D surface*

	Variables retenues	Description
X1	Ht/H2	Hauteur de la tête pondérée par la hauteur devant la première nageoire dorsale
X2	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X3	At/Atot	Aire de la tête pondérée par l'aire totale
X4	K	Coefficient de condition
X5	Av/Atot	Aire du ventre pondéré par l'aire totale
X6	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
X7	H7/H2	Hauteur du dos avant la première nageoire dorsale pondérée la hauteur de la première nageoire ventrale à la première nageoire dorsale
Modèle de régression $R^2=10.88\%$ $F=34.06$ $\epsilon=0.01$		
<p>Résidus carcasse étêtée = $(-0,0379651) + \mathbf{X1} * 0,06696865 + \mathbf{X2} * 0,02127519 + \mathbf{X3} * (-0,27530967) + \mathbf{X4} * (-2,4654E-06) + \mathbf{X5} * 0,02754294 + \mathbf{X6} * (-0,12897709) + \mathbf{X7} * 0,08691871$</p>		

Annexe XIV : Modèles 2D 16 points

a) Modèle prédictif des résidus en tête 2D 16 points

	Variables retenues	Description
X1	At/Atot	Aire de la tête pondérée par l'aire totale
X2	L7/Pv	Longueur du filet pondéré par le poids vif
X3	At/Pv	Aire de la tête pondérée par le poids vif
X4	L4/L3	Rapport de longueur de l'avant du poisson
X5	K	Coefficient de condition
Modèle de régression R ² =60.33% F=424.3 ε=0.02		
Résidus tête = (-0,12851601) + X1 *1,41001115 + X2 *(-2,46118505) + X3 *2,8341433 + X4 *0,04518875 + X5 *-0,00010525		

b) Modèle prédictif des résidus en filet 2D 16 points

	Variables retenues	Description
X1	At/Pv	Aire de la tête pondérée par le poids vif
X2	perimetre dos	Périmètre du dos
X3	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X4	At/Atot	Aire de la tête pondérée par l'aire totale
X5	Av/Atot	Aire du ventre pondéré par l'aire totale
X6	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
X7	L7/Pv	Longueur du filet pondéré par le poids vif
Modèle de régression R ² =11.07% F=24.77 ε=0.01		
Résidus filet = 0,11145113 + X1 *(-1,90281169) + X2 *(-0,00065837) + X3 *0,02598822 + X4 *0,58225461 + X5 *-0,1530625 + X6 *(-0,21148136) + X7 *0,76839501		

c) Modèle prédictif des résidus en carcasse 2D 16 points

	Variables retenues	Description
X1	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X2	Av/Atot	Aire du ventre pondéré par l'aire totale
X3	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
X4	K	Coefficient de condition
X5	L8/Ltot	Longueur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
Modèle de régression R ² =37.6% F=168.1 ε=0.01		
Résidus carcasse = 0,00277862 + X1 *0,01749459 + X2 *(-0,09198148) + X3 *0,25365827 + X4 *(-3,7888E-05) + X5 *0,16111563		

Ici le modèle ne semble pas différent du modèle carcasse 3D surface. En effet l'ensemble des points remarquables sont présents aussi bien en 2D qu'en 3D. Cependant le R² reste différents car dans le premier modèles les surface sont calculé à partir des coordonnées des points 3D tandis qu'ici ces surfaces sont calculé à partir des coordonnées des points 2D. Leur position sont certes très proches mais tout de même suffisamment différentes pour entrainer des modifications minime dans les caractéristiques du modèles.

d) *Modèle prédictif des résidus en carcasse étêtée 2D 16 points*

	Variables retenues	Description
X1	H9/H4	Rapport de hauteur ventrale
X2	Ht/H2	Hauteur de la tête pondérée par la hauteur devant la première nageoire dorsale
X3	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X4	At/Atot	Aire de la tête pondérée par l'aire totale
X5	K	Coefficient de condition
X6	Av/Atot	Aire du ventre pondérée par l'aire totale
X7	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
Modèle de régression $R^2=17.15\%$ $F=41.2$ $\epsilon=0.01$		
Résidus carcasse étêtée = $0,00614002 + X1*0,04324192 + X2*0,16630418 + X3*0,02404549 + X4*(-0,23585505) + X5*3,4549E-05 + X6*(-0,11007357) + X7*(-0,64833228)$		

Annexe XV : Modèles simplifiés

a) Modèle prédictif des résidus en tête simplifié

	Variables retenues	Description
X1	L7/Pv	Longueur du filet pondéré par le poids vif
X2	L4/L3	Rapport de longueur de l'avant du poisson
X3	K	Coefficient de condition
X4	Surface	Surface de l'individu
X5	L-T/L+T	Ellipticité 1
X6	H-T/H+T	Ellipticité 2
X7	L-H/L+H	Ellipticité 3
Modèle de régression R ² =32% F=92.4 ε=0.03		
Résidus tête = 0,59752801 + X1 *(-1,86941) + X2 *(-0,04619092) + X3 *(-0,00013384) + X4 *(-0,00058035) + X5 *(3,84227167) + X6 *(-4,38864314) + X7 *(-4,90246873)		

b) Modèle prédictif des résidus en filet simplifié

	Variables retenues	Description
X1	perimetre dos	Périmètre du dos des individus
X2	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X3	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur totale
X4	L7/Pv	Longueur du filet pondéré par le poids vif
X5	L-T/L+T	Ellipticité 1
Modèle de régression R ² =4.9% F=14.26 ε=0.01		
Résidus filet = 0,12300733 + X1 *(-0,00086211) + X2 *0,02023288 + X3 *(-0,45799521) + X4 *(-0,22465705) + X5 (-0,03137653)		

c) Modèle prédictif des résidus en carcasse simplifié

	Variables retenues	Description
X1	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X2	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
X3	K	Coefficient de condition
X4	L8/Ltot	Longueur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
X5	Surface	Surface de l'individu
X6	L-H/L+H	Ellipticité 3
Modèle de régression R ² =44.6% F=187.3 ε=0.01		
Résidus carcasse = (-0,20359812) + X1 *0,01759431 + X2 *0,28564388 + X3 *(-2,5733E-05) + X4 *0,2529838 + X5 *0,00011459 + X6 *0,19221961		

d) *Modèle prédictif des résidus en carcasse étêtée simplifié*

	Variables retenues	Description
X1	H9/H4	Rapport de hauteur ventrale
X2	Ht/H2	Hauteur de la tête pondérée par la hauteur devant la première nageoire dorsale
X3	E8/E23	Rapport d'épaisseurs échographiques au niveau de la cavité abdominale
X4	K	Coefficient de condition
X5	Ht/Ltot	Hauteur de la tête pondérée par la longueur à la fourche
Modèle de régression $R^2=13.97\%$ $F=45.3$ $\epsilon=0.01$		
Résidus carcasse = $(-0,06931017) + \mathbf{X1} * 0,08783502 + \mathbf{X2} * 0,1516433 + \mathbf{X3} * 0,02120537 + \mathbf{X4} * 4,114E-05 + \mathbf{X5} * (-0,76819435)$		

Annexe XVI : Tableau des résultats génétiques relatif à l'étude des caractères : échographies, caractères phénotypiques et rendements cibles

Tableau XXVI : Héritabilités ($\pm SE$), corrélations génétiques ($\pm SE$) et phénotypiques des mesures échographiques, des rendements cibles et des principales variables brutes ; R = Rendement, cee = Carcasse éviscérée étêtée

caractère	Echo 2	Echo 4	Echo 5	Echo 6	Echo 8	Echo 9	Echo 23	P	L	K	Rcarcasse	Rcee	Rtête	Rfilet
Echo 2	0,45($\pm 0,08$)	0,99($\pm 0,02$)	0,98($\pm 0,01$)	0,99($\pm 0,01$)	0,87($\pm 0,08$)	0,93($\pm 0,05$)	0,94($\pm 0,03$)	0,98($\pm 0,01$)	0,90($\pm 0,04$)	0,70($\pm 0,09$)	- 0,41($\pm 0,12$)	0,25($\pm 0,16$)	-0,69($\pm 0,1$)	0,36($\pm 0,15$)
Echo 4	0,77	0,42($\pm 0,08$)	1	1	0,94($\pm 0,05$)	0,96($\pm 0,04$)	1($\pm 0,01$)	0,99	0,90($\pm 0,04$)	0,72($\pm 0,09$)	- 0,53($\pm 0,12$)	0,06($\pm 0,16$)	-0,70($\pm 0,1$)	0,19($\pm 0,16$)
Echo 5	0,81	0,9	0,49($\pm 0,09$)	0,99	0,95($\pm 0,04$)	0,97($\pm 0,03$)	0,99($\pm 0,01$)	0,99	0,90($\pm 0,03$)	0,75($\pm 0,08$)	- 0,48($\pm 0,13$)	0,19($\pm 0,16$)	- 0,74($\pm 0,08$)	0,32($\pm 0,16$)
Echo 6	0,79	0,82	0,89	0,44($\pm 0,09$)	0,97($\pm 0,04$)	0,96($\pm 0,03$)	0,96($\pm 0,02$)	0,99($\pm 0,01$)	0,90($\pm 0,03$)	0,72($\pm 0,09$)	- 0,74($\pm 0,12$)	-0,12($\pm 0,2$)	- 0,85($\pm 0,08$)	0,02($\pm 0,23$)
Echo 8	0,47	0,52	0,52	0,54	0,13($\pm 0,05$)	0,97($\pm 0,03$)	0,91($\pm 0,06$)	0,93($\pm 0,06$)	0,74($\pm 0,12$)	0,80($\pm 0,09$)	- 0,67($\pm 0,12$)	-0,1($\pm 0,2$)	-0,80($\pm 0,1$)	0,14($\pm 0,21$)
Echo 9	0,51	0,54	0,56	0,58	0,65	0,18($\pm 0,05$)	0,93($\pm 0,04$)	0,91($\pm 0,05$)	0,72($\pm 0,11$)	0,87($\pm 0,06$)	- 0,69($\pm 0,08$)	- 0,06($\pm 0,16$)	- 0,73($\pm 0,09$)	0,14($\pm 0,17$)
Echo 23	0,71	0,76	0,79	0,77	0,49	0,56	0,44($\pm 0,07$)	0,98($\pm 0,01$)	0,87($\pm 0,04$)	0,78($\pm 0,07$)	-0,58($\pm 0,1$)	- 0,01($\pm 0,16$)	0,66($\pm 0,09$)	0,24($\pm 0,16$)
P	0,8	0,88	0,91	0,86	0,51	0,56	0,84	0,61($\pm 0,1$)	0,94 ($\pm 0,02$)	0,68($\pm 0,09$)	- 0,46($\pm 0,12$)	0,14($\pm 0,12$)	- 0,65($\pm 0,11$)	0,25($\pm 0,17$)
L	0,73	0,73	0,82	0,78	0,46	0,46	0,73	0,93	0,48($\pm 0,09$)	0,39($\pm 0,14$)	- 0,30($\pm 0,14$)	0,16($\pm 0,15$)	- 0,49($\pm 0,13$)	0,12($\pm 0,18$)
K	0,5	0,53	0,55	0,52	0,32	0,43	0,57	0,51	0,2	0,65($\pm 0,1$)	- 0,65($\pm 0,09$)	0,01($\pm 0,16$)	- 0,72($\pm 0,09$)	0,39($\pm 0,15$)
Rcarcasse	-0,37	-0,43	-0,42	-0,31	-0,39	-0,58	-0,48	-0,4	-0,25	-0,58	0,53($\pm 0,08$)	0,55($\pm 0,11$)	0,62($\pm 0,09$)	0,23($\pm 0,15$)
Rcee	0,12	0,07	0,12	0,04	0,01	-0,06	0,01	0,12	0,16	-0,02	0,49	0,45($\pm 0,08$)	- 0,32($\pm 0,14$)	0,93($\pm 0,04$)
Rtête	-0,52	-0,53	-0,57	-0,39	-0,45	-0,56	-0,52	-0,54	-0,41	-0,59	0,59	-0,39	0,5($\pm 0,09$)	0,59($\pm 0,11$)
Rfilet	0,27	0,22	0,28	0,15	0,15	0,16	0,19	0,25	0,23	0,19	0,11	0,68	-0,5	0,31($\pm 0,08$)

Annexe XVII : Héritabilités des modèles de prédiction

Tableau XXVII : Héritabilités (\pm SE) des modèles prédictifs

Modèles	h^2
M1 carcasse	0,55 (\pm 0,09)
M1Cee	0,30(\pm 0,07)
M1 filet	0,23(\pm 0,06)
M1 Tête	0,45(\pm 0,08)
M2 carcasse	0,52(\pm 0,08)
M2 Cee	0,29(\pm 0,07)
M2 filet	0,23(\pm 0,06)
M2 tête	0,45(\pm 0,08)
M3 carcasse	0,63(\pm 0,1)
M3 Cee	0,30(\pm 0,07)
M3 filet	0,22(\pm 0,06)
M3 tête	0,48(\pm 0,09)
M4 carcasse	0,59(\pm 0,1)
M4 Cee	0,14(\pm 0,06)
M4 filet	0,27(\pm 0,06)
M4 tête	0,57(\pm 0,1)
M5 carcasse	0,52(\pm 0,08)
M5 Cee	0,30(\pm 0,07)
M5 filet	0,28(\pm 0,07)
M5 tête	0,41(\pm 0,08)
M6 carcasse	0,46(\pm 0,09)
M6 Cee	0,24(\pm 0,09)
M6 filet	0,12(\pm 0,05)
M6 tête	0,53(\pm 0,09)

Annexe XVIII : Corrélations génétiques entre les modèles prédictifs et les rendements de découpe

Tableau XXVIII : Corrélation génétique (\pm SE) entre les rendements de découpes et leur modèles prédictifs (surligné en bleu)

	Rcarcasse	Rcee	Rfilet	Rtête
M1 carcasse	0,70(\pm 0,08)	-0,11(\pm 0,15)	-0,47(\pm 0,14)	0,90(\pm 0,04)
M1Cee	0,47(\pm 0,14)	0,75(\pm 0,1)	0,51(\pm 0,15)	-0,15(\pm 0,18)
M1 filet	-0,12(\pm 0,16)	0,53(\pm 0,14)	0,56(\pm 0,14)	-0,65(\pm 0,11)
M1 Tête	0,55(\pm 0,1)	-0,27(\pm 0,15)	-0,56(\pm 0,12)	0,87(\pm 0,04)
M2 carcasse	0,70(\pm 0,08)	-0,09(\pm 0,16)	-0,46(\pm 0,13)	0,90(\pm 0,04)
M2 Cee	0,45(\pm 0,14)	0,74(\pm 0,1)	0,51(\pm 0,15)	-0,17(\pm 0,16)
M2 filet	-0,13(\pm 0,17)	0,52(\pm 0,14)	0,55(\pm 0,14)	-0,65(\pm 0,11)
M2 tête	0,56(\pm 0,1)	-0,26(\pm 0,15)	-0,55(\pm 0,12)	0,87(\pm 0,04)
M3 carcasse	0,69(\pm 0,08)	-0,20(\pm 0,15)	-0,48(\pm 0,13)	0,94(\pm 0,02)
M3 Cee	0,45(\pm 0,15)	0,63(\pm 0,13)	0,4(\pm 0,17)	-0,04(\pm 0,18)
M3 filet	-0,2(\pm 0,16)	0,27(\pm 0,16)	0,30(\pm 0,18)	-0,53(\pm 0,13)
M3 tête	0,61(\pm 0,1)	-0,09(\pm 0,16)	-0,44(\pm 0,14)	0,76(\pm 0,07)
M4 carcasse	0,70(\pm 0,08)	-0,17(\pm 0,15)	-0,47(\pm 0,13)	0,95(\pm 0,02)
M4 Cee	0,47(\pm 0,16)	0,58(\pm 0,15)	0,17(\pm 0,23)	0,04(\pm 0,21)
M4 filet	-0,07(\pm 0,16)	0,48(\pm 0,14)	0,50(\pm 0,14)	-0,55(\pm 0,13)
M4 tête	0,62(\pm 0,09)	-0,23(\pm 0,16)	-0,53(\pm 0,13)	0,88(\pm 0,04)
M5 carcasse	0,7(\pm 0,08)	-0,09(\pm 0,16)	-0,46(\pm 0,13)	0,90(\pm 0,04)
M5 Cee	0,47(\pm 0,14)	0,75(\pm 0,1)	0,51(\pm 0,15)	-0,15(\pm 0,18)
M5 filet	-0,01(\pm 0,16)	0,52(\pm 0,13)	0,54(\pm 0,14)	0,52(\pm 0,13)
M5 tête	0,54(\pm 0,11)	-0,26(\pm 0,15)	-0,57(\pm 0,12)	0,87(\pm 0,05)
M6 carcasse	0,65(\pm 0,1)	0,004(\pm 0,16)	-0,42(\pm 0,14)	0,75(\pm 0,08)
M6 Cee	0,45(\pm 0,15)	0,68(\pm 0,12)	0,46(\pm 0,18)	-0,08(\pm 0,19)
M6 filet	-0,14(\pm 0,18)	0,1(\pm 0,22)	0,26(\pm 0,22)	-0,35(\pm 0,2)
M6 tête	0,62(\pm 0,1)	0,11(\pm 0,03)	-0,28(\pm 0,16)	0,59(\pm 0,11)

Tableau XXIX : Corrélations génétiques (\pm SE) des modèles avec leurs rendements cibles


	Rdtcarcasse	Rdtcee	Rdtfilet	Rdttête
M1	0,70(\pm 0,08)	0,75(\pm 0,1)	0,56(\pm 0,14)	0,87(\pm 0,04)
M2	0,70(\pm 0,08)	0,74(\pm 0,1)	0,55(\pm 0,14)	0,87(\pm 0,04)
M3	0,69(\pm 0,08)	0,63(\pm 0,13)	0,30(\pm 0,18)	0,76(\pm 0,07)
M4	0,70(\pm 0,08)	0,58(\pm 0,15)	0,50(\pm 0,14)	0,88(\pm 0,04)
M5	0,70(\pm 0,08)	0,75(\pm 0,1)	0,54(\pm 0,14)	0,87(\pm 0,05)
M6	0,65(\pm 0,1)	0,68(\pm 0,12)	0,26(\pm 0,22)	0,59(\pm 0,11)

Annexe XIX: La « breeding accuracy »

La valeur d'un animal d'élevage s'apprécie en fonction de sa valeur génétique, la moitié de cette valeur sera par la suite transmise à ses descendants de manière aléatoire. Bien qu'il soit impossible de définir de manière exacte cette valeur, il existe des solutions afin d'estimer ces performances, et ce de manière assez précise. Ces estimations sont appelées Estimated Breeding Values (EBVs) soit la « valeur d'élevage estimée ». (« Understanding EBV's » 2016)

Cette méthode est très utilisée en élevage bovin laitier et reste encore peu utilisée dans le domaine de l'aquaculture. Elle a pour « but » de cerner l'influence de la génétique avec la plus grande précision possible. (« Estimation des valeurs d'élevage, 2010, ZWS » 2016) Elle reste peu utilisée en aquaculture du fait des intervalles de génération très courts et du faible enrichissement d'informations contrairement au domaine de l'élevage bovin. De plus le plus grand cumul d'information existant dans la filière bovine améliore cette précision.

C'est le logiciel BLUPf90 qui aurait été utilisé pour estimer les valeurs génétiques des individus. Tout comme le logiciel « optichoix », il s'agit d'un programme écrit en FORTRAN90/95 faisant partie d'une collection de programmes dédiés aux calculs de modèles mixtes dans l'élevage d'animaux. (« IM programs » 2016) Ce logiciel a été créé en 1999 par Ignacy Misztal, scientifique de Géorgie, et fonctionne via un système de matrices simples et modélables. (« blupf90.pdf » 2016)

	Diplôme : Ingénieur Agronome Spécialité : Agronomie Spécialisation / option : Sciences halieutiques et aquacoles, dominante : Production et Valorisation des produits Halieutiques (PVH) Enseignant référent : GUERIN Catherine
Auteur(s) : TOUBIANA Alice Date de naissance* : 17/08/1993	Organisme d'accueil : SYSAAF Adresse : SYSAAF, Laboratoire de Physiologie et Génomique des Poissons (LPGP), Campus de Beaulieu, Batiment 16A, Allée Henri Fabre, 35042 RENNES CEDEX.
Nb pages : 76 Annexe(s) : 19	Maître de stage : HAFFRAY Pierrick
Année de soutenance : 2016-2017	
Titre français : Paramètres génétiques de prédicteurs de rendements de découpe chez le bar et progrès génétiques potentiels par sélection	
Titre anglais : Genetic parameters of yield predictors on sea bass and potential genetic progress by selection	
<p>Résumé (1600 caractères maximum) :</p> <p>Ce stage a été conduit dans le cadre d'un projet européen Fishboost (FP7). Il avait pour objectif :</p> <ul style="list-style-type: none"> - D'identifier chez le bar (<i>Dicentrarchus labrax</i>) des caractères permettant de prédire les rendements de découpe de manière non létale dans le but d'améliorer l'efficacité de production par la sélection sur les candidats plutôt que sur les apparentés. - De comparer l'efficacité des méthodes 2D et 3D pour l'obtention de modèles prédictifs. - D'estimer les paramètres génétiques (héritabilités et corrélations génétiques) de ces prédicteurs ainsi que les gains potentiels par sélection en aquaculture. <p>1499 individus constituent le jeu de données (285.7 ± 68.7g). Des mesures phénotypiques externes et internes ont été réalisées par imagerie 2D, 3D et par l'échographie. Des rendements de découpe en tête, filet, carcasse et carcasse éviscérée étêtée ont été calculés et des prédicteurs phénotypiques de ces rendements ont été établis grâce à un modèle de régression linéaire multiple.</p> <p>La 3D est plus prédictive que la 2D mais autant discriminante (pourcentages d'erreurs de discrimination similaire).</p> <p>Les héritabilités des caractères de croissance sont toutes élevées (0.48 à 0.65). Les héritabilités des prédicteurs sont supérieures (carcasse et tête) ou inférieures (carcasse éviscérée étêtée et filet) aux rendements réels. Les corrélations entre les prédicteurs et le rendement de filetage sont faibles (0.26±0.22 à 0.56±0.14) mais modérées à élevées pour les autres modèles (0.59±0.11) à 0.87±0.05). De plus des modèles simplifiés sont possibles et impactent peu les gains.</p> <p>Les estimations des gains montrent que la sélection des candidats sur ces prédicteurs pourrait permettre d'espérer des gains plus élevés qu'en sélection généalogique sur apparentés du fait de pressions de sélection plus importantes sans subir l'aléa de méiose.</p>	
<p>Abstract (1600 caractères maximum) :</p> <p>The aims of this present project (Fishboost FP7) were :</p> <ul style="list-style-type: none"> - To identify on sea bass (<i>Dicentrarchus labrax</i>) some traits for processing yield prediction by non-lethal method to improve efficiency production by selection rather than on collateral. - To compare efficiency of 2D and 3D method for predictors creation - To estimate genetics parameters (heritabilities and genetics correlations) of processing yield and potentials gains under selection in aquaculture. <p>Dataset contain 1499 fishes (285.7 ± 68.7g). External and internal phenotypic measures were been performed using 2D and 3D imaging and ultrasound. Head, filet, carcass and gutting headless cutting yields were calculating and predictors of each yield were estimate to use a linear mixed model.</p> <p>3D method was more predictive than 2D method but as much discriminative (similar standard error).</p> <p>The heritabilities of all growth traits were high (0.48 to 0.65). Heritabilities of predictors were higher (carcass and head) or lower (gutting carcasse and filet) than yields. Correlation between predictors and filet yield was low (0.26±0.22 to 0.56±0.14) but intermediate to high for the other predictors (0.59±0.11) to 0.87±0.05). Moreover, simplified predictors were possible and don't impact gains.</p> <p>The gains estimations showed that the selection on predictors could permit to hope some gains higher than by genealogical collateral selection without meiose hazard.</p>	
Mots-clés : Bar (<i>Dicentrarchus labrax</i>), héritabilités, corrélations génétiques, modèles prédictifs, rendement de découpe, gains par sélection	
Key Words: Sea bass (<i>Dicentrarchus labrax</i>), heritabilities, genetics correlations, predictors, cutting yield, gains under selection	