

L'Institut Agro Rennes-Angers
 Site d'Angers Site de Rennes

Année universitaire : 2022 - 2023

Spécialité : Ingénieur agronome

Spécialisation (et option éventuelle) : Sciences halieutiques et aquacoles (Aquaculture)

Mémoire de fin d'études

- d'ingénieur de l'Institut Agro Rennes-Angers (Institut national d'enseignement supérieur pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement)
- de master de l'Institut Agro Rennes-Angers (Institut national d'enseignement supérieur pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement)
- de l'Institut Agro Montpellier (étudiant arrivé en M2)
- d'un autre établissement (étudiant arrivé en M2)

Estimations des héritabilités et corrélations phénotypiques et génétiques pour des caractères de croissance et de qualité chez *Penaeus Monodon*

Par : Nolwenn GUILLERM



Soutenu à RENNES le 15/09/2023

Devant le jury composé de :

Président : Bastien SADOUL

Maître de stage : Romain MORVEZEN

Enseignant référent : Bastien SADOUL

Autres membres du jury (Nom, Qualité) :

Etienne RIVOT, enseignant

Nicolas BEDERE, jury extérieur

Les analyses et les conclusions de ce travail d'étudiant n'engagent que la responsabilité de son auteur et non celle de l'Institut Agro Rennes-Angers

Ce document est soumis aux conditions d'utilisation «Patrimoine-Pas d'Utilisation Commerciale-Pas de Modification 4.0 France» disponible en ligne <http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.fr>



Remerciements :

J'aimerais tout d'abord remercier Romain Morvezen, mon maitre de stage et un des employés du SYSAAF, ainsi que Mélanie Sahuquet, gérante du pole recherche et développement de l'entreprise OSO farming, pour m'avoir permis de réaliser mon stage au sein de ce syndicat professionnel sur une mission pour l'entreprise OSO farming. Ils m'ont fait découvrir leur métier avec passion et ont eu la gentillesse de prendre le temps de m'expliquer les étapes de la sélection génétique de crevettes ainsi que de répondre à l'ensemble de mes questions avec patience.

Ensuite, je souhaite remercier Anastasia Bestin, Florence Lefevre, Jerome Bugeon et Pierrick Haffray pour toute l'aide et l'expertise qu'ils m'ont apportée dans la mise en œuvre de ce projet. Je voudrais aussi remercier l'ensemble des salariés du SYSAAF pour m'avoir accueilli chaleureusement, intégrée à l'équipe et appris de nombreuses choses sur leur métier et la sélection génétique en générale.

Enfin j'aimerais remercier Bastien Sadoul, pour m'avoir suivie en tant qu'enseignant référent mais aussi pour m'avoir mis en contact avec Romain Morvezen ce qui m'a permis d'obtenir ce stage.

Je suis très heureuse d'avoir pu travailler pendant six mois au SYSAAF avec une ambiance d'équipe particulièrement agréable. Cette expérience fut extrêmement enrichissante et j'espère pouvoir la renouveler un jour.

Sommaire

I – Introduction

Contexte :

- 1 – La crevette tigrée
 - 1.1 – Biologie et classification
 - 1.2 – Historique et production mondiale
 - 1.3 - Cycle d'élevage
 - 2 - Principe et intérêt de la sélection génétique
 - 3 – Situation actuelle de la sélection génétique de *Penaeus monodon*
 - 3.1 – Paramètres de croissance et de survie
 - 3.2 – Paramètres de qualité
- Intérêts et objectifs du stage

II - Matériel et méthode

- 1 - Acquisition des données préalable au stage
 - 1.1 - Données d'élevage des animaux étudiés
 - 1.2 - Phénotypage
 - 1.2.1 – Phénotypage sur site
 - 1.2.2 – Phénotypage à l'usine de transformation
 - 1.3 – Acquisition des données de génotypage
- 2 - Analyse des données de génotypage
 - 2.1 - Contrôle de qualité des données de génotypage
 - 2.2 - Assignation de parenté
- 3 - Analyse des caractères
 - 3.1 - Caractères de croissance : analyse des données de poids, longueur, épaisseur et rendement
 - 3.2 – Caractères de qualité : analyse des données de texture et de couleur

III - Résultats

- 1 - Assignation de parenté
- 2 – Caractères de croissance
 - 2.1 – Analyse phénotypique
 - 2.2 – Construction du modèle et analyse génétique
- 3 – Caractères de qualité : texture et couleur
 - 3.1 – Analyse de la texture
 - 3.2 – Analyse de la couleur
- 4 – Comparaison des différentes catégories de paramètres

IV - Discussion

- 1 – Assignation de parenté
- 2 – Caractères de croissance
- 3 – Caractères de qualité
 - 3.1 – Texture
 - 3.2 - Couleur
- 4 – Comparaison des paramètres de croissance et de qualité

V - Conclusion

Bibliographie

Abréviations :

AIC : *Akaike* Information Criterion

bp : paire de base

cm centimetre

g : grammes

GAV : Gill Associated Virus

MAF : Minor Allele Frequency

mm : millimetre

PCR : Polymerase Chain Reaction

RFID : Radio Frequency Identification

RGB : Rouge Vert Bleu

SNP : single nucleotide polymorphism

SYSAAF :Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français

WSSV : White Spot Syndrome Virus

I – Introduction

Dans un contexte d'une demande croissante de la population mondiale de produits d'origine halieutiques et d'une stagnation des rendements de la pêche, la filière aquacole s'est fortement développée dans les dernières décades. La pénéculture a participé à cette augmentation de production passant de 1,1 million de tonnes en 2000 à 6,6 millions en 2019. De nombreuses espèces de crevettes existent en élevage mais la crevette à pattes blanches, *Penaeus Vannamei*, et la crevette géante tigrée, *Penaeus Monodon*, représentent à elles seules plus de 90% de la production mondiale en 2019 (FAO, 2020). Pour atteindre ces niveaux de productivité de façon rentable et en vendant des produits de qualité les entreprises améliorent et optimisent constamment leurs processus d'élevage. Un des éléments essentiels pour atteindre cet objectif est d'élever des animaux performants c'est-à-dire des individus qui grandissent vite, se reproduisent efficacement, survivent bien aux pathogènes et aux variations environnementales et présentent des caractéristiques commerciales (poids, couleur, texture par exemple) attractives pour les éleveurs et les consommateurs.

De nombreuses techniques d'amélioration existent, celle qui nous intéresse ici est la sélection génétique. Elle consiste à sélectionner des individus présentant des caractéristiques souhaitables génétiquement déterminées, pour favoriser chez la descendance l'augmentation de fréquences de ces traits avantageux et donc l'amélioration globale de la population. Le SYSAAF (Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français) travaille à la mise en place et à la progression de la sélection génétique chez de nombreuses espèces animales d'élevage dont la crevette tigrée, *Penaeus Monodon*, avec l'entreprise OSO produisant des gambas bio à Madagascar.

Contexte :

1 – La crevette tigrée

1.1 – Biologie et classification

Penaeus monodon communément appelée crevette géante tigrée, *black tiger* ou crevette tigrée à Madagascar est généralement commercialisée sous le nom de gambas. La position systématique de cette espèce donnée par Fischer et Bianchi (1984) est :

Phylum : Arthropoda
Classe : Crustacea
Sous-classe : Malacostraca
Série : Eumalacostraca
Super-ordre : Eucarida
Ordre : Decapoda
Sous-ordre : Dendrobranchiata
Infra-ordre : Penaeidea
Super-famille : Penaeoidea
Famille : Penaeidae
Espèce : *Penaeus monodon* (Fabricius, 1798)

La crevette tigrée est un crustacé décapode marin possédant une large aire de répartition dans les eaux tropicales et subtropicales marines et estuariennes, on la retrouve entre les côtes d'Australie, le sud et le sud-est de l'Asie et l'est de l'Afrique. Selon le substrat de vie et la nourriture reçue, la couleur du corps varie entre le vert, le brun, le rouge, le gris et le bleu. Les couleurs des bandes transversales sur l'abdomen et la carapace alternent entre le bleu ou le noir et le jaune. Les adultes peuvent atteindre 33 cm de long (FAO, 2009). Cette espèce

est gonochorique et les individus présentent un dimorphisme sexuel, les femelles se distinguent des mâles par la présence d'un réceptacle séminal externe, le thelycum, à la base de la quatrième paire de pattes thoraciques. Dans le milieu naturel la reproduction se produit en mer juste après la mue de la femelle au moment où la carapace est molle, avec un mâle qui n'est pas en phase de mue. Les œufs fécondés restent ensuite un moment (12 -15 heures) dans la femelle avant d'être pondus en eau libre (Ranivoarivalo, 2006). L'éclosion après plusieurs transformations de l'œuf donne naissance au nauplii, premier stade larvaire. Les larves passent par différents stades jusqu'à devenir des juvéniles puis reviennent grandir en milieu estuarien. Le cycle est relativement court, d'une durée d'environ 18 mois (Calerivière et al, 2008). Ce cycle de vie est résumé sur le schéma ci-dessous (Figure 1) :

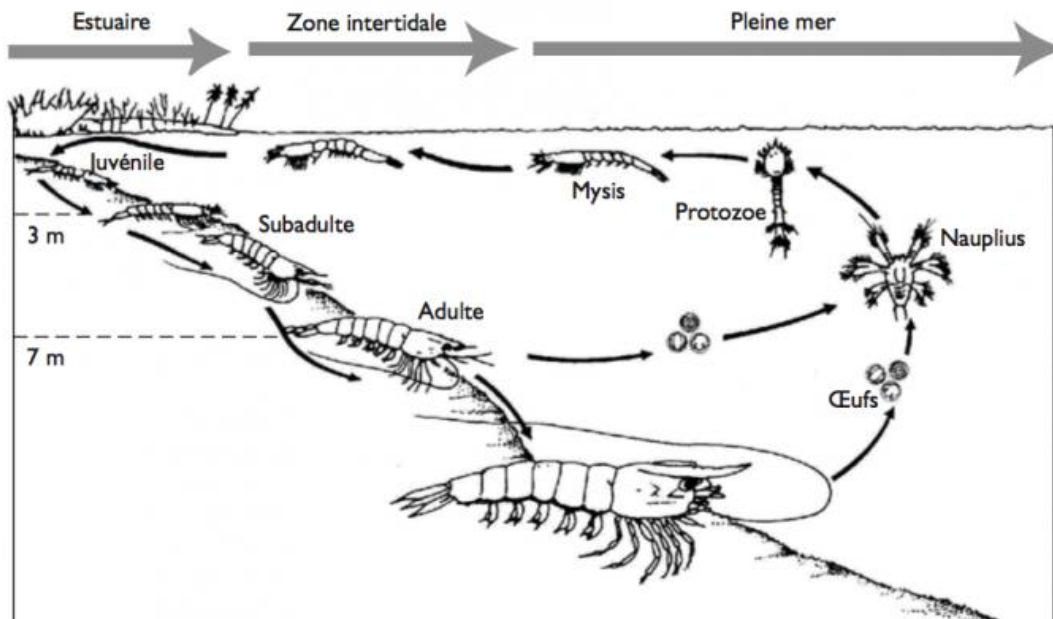


Figure 1 : représentation schématique du cycle de vie de *Penaeus monodon* (Calerivière et al, 2008)

Les crevettes tigrées sont carnivores, elles se nourrissent de petits crustacés, mollusques et polychètes principalement. Parfois des phénomènes de cannibalisme sont observés, en particulier après la mue où les individus sont vulnérables. Les crevettes sont majoritairement actives durant la nuit et s'enfouissent dans la vase durant la journée (Ranivoarivalo, 2006).

1.2 – Historique et production mondiale

La pêche et l'élevage de crevette tigrée est pratiquée depuis plus d'un siècle par les populations des zones côtières de certains pays asiatiques. La première reproduction en élevage est réussie en 1972 à Phuket en Thaïlande (FAO, 2009). Après cela de nombreuses fermes semi-intensives se sont développées en Thaïlande puis dans les années 1980 l'élevage intensif a pris de l'ampleur notamment grâce au succès de la formulation de l'aliment commercial (FAO, 2009). Par rapport aux autres espèces de crevettes *Penaeus monodon* avait la croissance la plus rapide et la meilleure adaptabilité aux conditions d'élevage ce qui a permis l'essor de l'aquaculture intensive à travers toute l'Asie dans les années 1980. A cette période la crevette tigrée était l'espèce dominante de pénéides produite dans le monde. Dans les années 90 une épidémie globale de WSSV (White Spot Syndrome Virus) a fortement fait chuter la production. La crevette tigrée a été remplacée par *Litopenaeus vannamei*, plus résistante à la maladie. Les pratiques d'élevage ont aussi évolué pour améliorer la biosécurité

et limiter les risques. Les programmes de sélection sur les différentes espèces de crevettes ont vu le jour. Cela, ainsi qu'une forte demande des consommateurs de crevettes de grande taille a, entre autres, aidé à relancer la production de *Penaeus monodon* qui reste aujourd'hui la 2eme espèce de crevette la plus vendue au monde derrière la crevette à pattes blanche (Chamberlain, 2011). D'après les données de la FAO, 774 484 tonnes ont été produites en 2019 dans le monde, ce qui représente une valeur de 6,327 831 milliard de dollars américains (FAO, 2020).

1.3 - Cycle d'élevage

Les géniteurs peuvent être pêchés ou issus d'individus déjà reproduits en élevage dans une éclosérie (de l'entreprise de grossissement ou d'une éclosérie indépendante). Ils sont placés dans des bacs spécifiques dans une salle obscure et nourris avec des calamars, moules et autres produits de la mer non transformés pour favoriser les performances reproductrices. Pour favoriser la maturation des femelles, un œil peut être ablaté afin de stimuler les mécanismes endocriniens (Primavera, 1978). Après l'accouplement et la ponte, les nauplii sont collectées et nettoyées puis transférées dans des bacs d'élevage larvaire. Une fois au stade de post-larves les individus sont à nouveau transférés vers des bassins de grossissement dans des densités variables selon le type d'élevage (intensif, semi-intensif ou extensif). Les animaux sont ensuite pêchés une fois qu'ils ont atteint le poids moyen souhaité pour la commercialisation (entre 20 et 35 g) (FAO, 2009). Le cas général est résumé dans la figure ci-dessous, cependant selon les régions et les entreprises quelques différences avec ce schéma peuvent être observées (Figure 2).

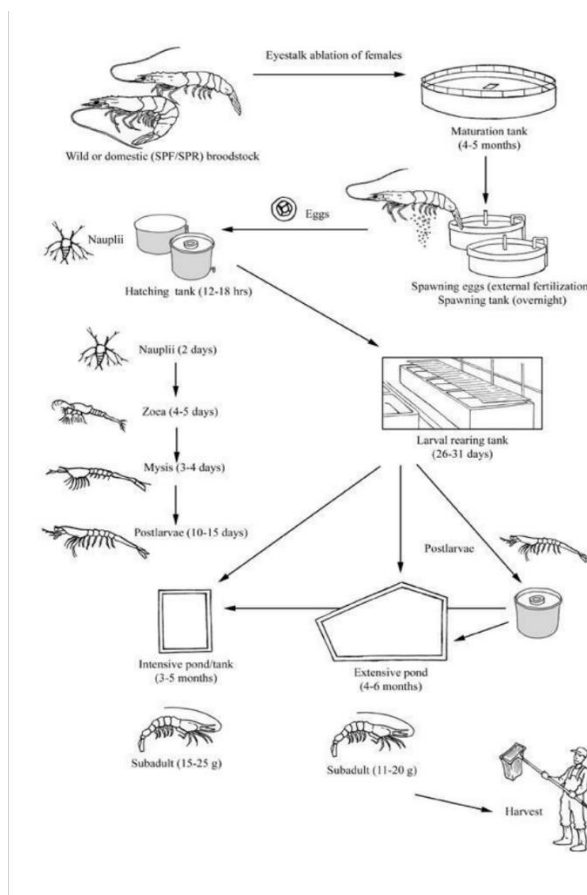


Figure 2 : schéma générale du cycle d'élevage de *Penaeus monodon* (FAO, 2009)

Dans le cas d'OSO farming une partie des géniteurs est issue de la pêche et une partie de l'écloserie de l'entreprise. L'entreprise suivant le cahier des charges de l'agriculture biologique des crevettes pour leur production, notamment aucun antibiotique n'est utilisé pour lutter contre les maladies. Les animaux sont pêchés et commercialisés à un poids moyen de 20 grammes ce qui correspond à une durée d'élevage depuis les post-larves de 6 à 8 mois (selon la saison chaude ou froide).

2 – Principe et intérêt de la sélection génétique

La sélection génétique est définie comme une sélection, naturelle ou artificielle, dans une population, qui conduit à une variation de la fréquence de certains gènes ou de certains allèles d'une génération à l'autre. Dans le cas de l'aquaculture la sélection est artificielle avec pour objectif d'augmenter la fréquence d'allèles présentant des avantages pour la commercialisation du produit. La possibilité de la réussite à sélectionner un caractère dépend de son héritabilité, c'est-à-dire la proportion de la variation du phénotype observé du caractère dû à la génétique. En effet, les variations phénotypiques observées et donc les performances (P) des individus dans une population s'expliquent en partie par des effets génétiques innés (G) et par des effets environnementaux acquis (E) (Falconer et Mackay, 1996). Pour estimer cette héritabilité il est nécessaire de décomposer de manière quantitative les différents paramètres impliqués. Ainsi la performance est exprimée par :

$$P = G + E$$

Les effets de l'environnement comprennent ce qui est dû à l'environnement commun et qui affecte un ensemble d'individus élevés ensemble (E_c), les effets maternels non génétiques (par exemple le jour de ponte) (M), parfois d'autres effets estimables tels que l'année ou la lignée par exemple et enfin des effets environnementaux résiduels non estimables ou quantifiables (e). Les effets génétiques peuvent être décomposés entre la valeur additive (A), transmissible directement à la descendance, la valeur de dominance (D) correspondant à l'interaction de 2 gènes au même locus (elle est généralement ignorée en sélection, car un design expérimental spécifique est nécessaire pour l'évaluer) et la valeur d'épistasie résultant d'interactions complexes entre gènes (également souvent ignorées en sélection) (Falconer et Mackay, 1996). Ainsi la performance d'un individu peut être quantifiée de la façon suivante :

$$P = E_c + M + e + A + D + I$$

L'héritabilité (h^2) correspond au ratio de la variance de la valeur additive (V_A) et de la variance de la performance (V_P), elle est comprise entre 0 et 1. Une valeur de 0 signifie que tous les individus ont la même valeur additive, il n'y a pas de variation, le caractère n'est pas héritable. Une valeur de 1 signifie que l'ensemble de la variation observée est due aux paramètres génétiques (Falconer et Mackay, 1996).

$$h^2 = V_A / V_P$$

Les corrélations génétiques correspondent au lien génétique entre 2 ou plusieurs variables, si elle est significativement différente de 0 cela signifie que les caractères sont influencés par des gènes en partie communs (Dupont-Nivet et al, 2002). Lorsque le caractère est héritable la sélection génétique est réalisée en conservant et reproduisant les individus ou les descendants d'un couple présentant les traits phénotypiques jugés intéressants, dans leurs descendants une plus grande proportion d'individus possèdera les caractères d'intérêts. Pour réaliser ce tri des individus ou familles il est nécessaire d'avoir accès à l'information familiale. 2 techniques sont possibles : l'élevage de chacune des familles en bacs séparés ou la reconstitution a posteriori des familles par génotypage et assignation de parenté. La première

méthode présente l'avantage d'être efficace et d'éviter les erreurs d'assignation de parenté mais elle est très couteuse en aquaculture à cause de l'investissement requis, conséquent en termes d'infrastructure. De plus, les effets bacs d'élevage se confondent avec l'effet génétique et peuvent influencer les résultats. La seconde technique limite les variations d'environnement et les couts mais nécessite l'interaction de plusieurs acteurs et augmente les risques d'erreur de traçabilité. Dans cette étude les individus ont été élevés en familles mélangées.

Le génotypage se base sur des marqueurs génétiques tel que des SNP, des variations d'un seul nucléotide très courantes, en général plusieurs millions au sein d'un génome (variable selon l'espèce et la longueur du génome). Ces variations sont transmises aux descendants lors de la reproduction, en utilisant un grand nombre d'entre eux ils permettent donc de vérifier la compatibilité entre les descendants et les parents probables.

Les espèces aquacoles étant actuellement peu domestiquées les possibilités d'amélioration par sélection génétique sont importantes. La sélection génétique aquacole actuelle a principalement pour objectif d'améliorer la croissance mais cela se diversifie (Vandeputte et al, 2009) avec de la sélection sur les caractères de reproduction (D'Ambrosio et al, 2020), la survie aux maladies (Griot et al, 2021) ou encore sur le stress environnemental (Prchal et al, 2023).

3 – Situation actuelle de la sélection génétique de *Penaeus monodon*

3.1 – Paramètres de croissance et de survie

Le premier point important est que la crevette tigrée est élevée dans des régions avec des environnements très variés, les héritabilités des différentes études ont souvent été calculées avec échantillons de taille faible et pour des populations spécifiques, ainsi il est complexe de trouver un consensus sur les valeurs obtenues. Les conditions d'élevages (notamment élevage en familles séparées) peuvent entraîner des effets environnementaux et fortement impacter les résultats obtenues (Hasan et al, 2020). Les caractères de croissance (poids, longueur, morphologie, taux de croissance par exemple) et de survie (comprenant la survie pure mais aussi des caractères de résistance aux maladies) sont les principaux caractères qui permettent aux entreprises de tirer du profit en les améliorant, ce qui les rend prioritaire dans la sélection génétique (Krishna et al, 2011).

Les héritabilités liées au poids chez la crevette tigrée sont fortes et varient entre 0,39 et 0,48 (Hasan et al, 2020). Ces valeurs sont plus élevées que chez les autres espèces de crevettes où la moyenne est une héritabilité autour de 0,30 (Hasan et al, 2020). Les valeurs pour la longueur du corps sont relativement similaires et les corrélations phénotypiques et génétiques entre ces 2 caractères ainsi qu'avec les traits morphologiques sont très fortes, autour de 0,80 (Hasan et al, 2020). Une autre étude montre que l'héritabilité du poids est faible pour les individus juvéniles de *Penaeus monodon*, l'héritabilité de ce caractère est variable avec l'âge (Kenway et al, 2006). Le taux de croissance a lui une héritabilité extrêmement variable selon les études et le stade de vie étudié (entre 0,16 et 0,45). Les caractères liés à l'alimentation (efficacité alimentaire, prise alimentaire par exemple) sont fortement héritables avec des valeurs variables autour de 0,58. En revanche, les caractères liés à la survie et à la reproduction semblent faiblement héritables (héritabilité inférieure à 0,15) et peu corrélés aux autres catégories de paramètres. Cependant il existe peu d'études sur chacun de ces traits (Hasan et al, 2020).

D'autres études semblent confirmer ces chiffres et ajouter quelques éléments, ainsi l'héritabilité de la survie malgré sa très faible héritabilité serait légèrement corrélée positivement avec la croissance ce qui est favorable (Krishna et al, 2011). De même les différentes études sur les résistances aux maladies chez *Penaeus monodon* ne trouvent pas d'influence génétique, par exemple pour le WSSV (White Spot Syndrome Virus) (Hayes et al,

2010), ou alors une résistance très faiblement héritable (environ 0,11) comme pour le GAV (Gill Associated Virus) où le risque de mortalité semble augmenter avec le poids (ce qui est défavorable pour la sélection sur la croissance) (Noble et al, 2020). Ces faibles résultats ne signifient pas forcément qu'aucune population n'obtiendra jamais une estimation d'héritabilité de ces résistances aux maladies significativement existante car peut-être simplement que dans les conditions du test soit tous les individus étaient très sensibles, soit le niveau de défi était trop haut pour observer des résistances, soit la base génétique de l'expérience n'était pas assez large pour que les mutations de résistance soient présentes et observables (Hayes et al, 2010). Chez d'autres espèces de crevettes telles que *Penaeus vannamei*, l'héritabilité de la résistance au WSSV est faible mais existante, ce qui laisse espérer que cela soit le cas aussi pour la crevette tigrée (Trang et al, 2019).

3.2 – Paramètres de qualité

Les influences génétiques sur paramètres de qualités ont été étudiés sur la couleur mais très peu sur la texture. La couleur cuite dépend de l'astaxanthine présente dans l'exosquelette et dans les couches d'épiderme avant le muscle. Dans l'exosquelette cru des caroténoïdes sont présent mais associés à une protéine ce qui lui donne une couleur bleu-vert, la cuisson sépare les protéines des caroténoïdes ce qui entraîne l'apparition de la couleur rouge. Une couleur plus rouge signifie que la concentration en caroténoïdes est plus élevée et que pigments sont distribués plus uniformément (Tume et al, 2009). La congélation sur une longue période entraîne une dégradation de la couleur (Wade et al, 2014). L'héritabilité de la couleur crue et cuite a été étudiée sur la crevette bleue du Pacifique, *Lipoteneaus stylirostris*, où elle s'est avérée forte pour les crevettes crues et cuites, entre 0,41 et 0,59. Aucune corrélation génétique avec le poids n'avait été observée (Enez et al, 2018).

La texture c'est-à-dire la sensation éprouvée au toucher sur la composition d'une matière a déjà été étudiée notamment en termes d'influence des différentes étapes de transformation sur la fermeté de la chair ainsi que des corrélations phénotypiques avec d'autres caractères mais très peu d'études ont calculé des héritabilités et corrélations génétiques pour ces paramètres. Il a été montré que phénotypiquement la fermeté et l'élasticité de la chair augmente à la cuisson car le collagène de la crevette tigrée est très peu soluble, le phénomène inverse semblait être observé chez la crevette à pattes blanches (Murthy et al, 2016).

Intérêts et objectifs du stage

Comme présenté précédemment de nombreuses études se sont déjà intéressées à l'héritabilité de certains caractères chez *Penaeus monodon*. Cependant aucune d'entre elles ne porte sur la population de crevette tigrée présente à Madagascar et très peu sur des caractères importants pour le consommateur tels que la texture ou la couleur. Il est donc intéressant et innovant pour l'entreprise OSO de développer un schéma de sélection génétique basé sur un panel d'assignation spécifique à la population de crevette de la région et des traits phénotypiques originaux.

Dans quelle mesure des caractères phénotypiques de productions sont-ils héritables et corrélés phénotypiquement et génétiquement entre eux dans la population de *Penaeus monodon* présente dans l'élevage OSO à Madagascar ? En quoi ces résultats permettent-ils d'orienter et d'améliorer le programme de sélection de l'entreprise ?

Pour répondre à ces questions le stage s'est composé de plusieurs axes :

- L'outil de génotypage développé par OSO est-il viable et efficace pour de l'assignation de parenté dans un contexte de programme de sélection en familles mélangées ?
- Le phénotypage innovant (texture, couleur par analyse d'image) est-il réalisable dans

un contexte de programme de sélection ?

-Quelles sont les héritabilités observées dans les conditions d'élevage d'OSO pour les caractères d'intérêt (croissance, rendement, couleur, texture) ?

Quels sont les corrélations génétiques entre ces caractères ?

-Quelles conséquences une sélection sur l'un des paramètres peut-elle amener pour d'autres facteurs sur les générations suivantes ?

II - Matériel et méthode

1 - Acquisition des données préalable au stage

1.1 - Données d'élevage des animaux étudiés

Les parents des individus étudiés ont été pêchés près du site d'élevage dans le nord de Madagascar, puis préparés à la reproduction dans une unité dédiée où ils disposaient d'une alimentation adaptée pour favoriser la maturation des gonades. La reproduction a été réalisée en janvier 2020. Les pontes ont été étalées sur 4 jours. Toutes les femelles ne pondent pas et certaines produisent des pontes de mauvaise qualité qui ne sont pas conservées. Les pontes de bonne qualité d'un jour donné sont mélangées. A la fin de l'élevage larvaire, les larves sont élevées mélangées en nurserie, puis transférées dans des bassins de production jusqu'à un poids moyen de 20 g. Lorsque les animaux ont atteint ce poids moyen, en juillet 2020, 1000 crevettes du bassin ont été échantillonnées aléatoirement pour pouvoir réaliser sur elles les mesures phénotypiques et génétiques.

1.2 - Phénotypage

1.2.1 – Phénotypage sur site

Juste après avoir été abattus sur glace, les 1000 crevettes ont été marquées individuellement avec une puce RFID pour assurer la traçabilité des différentes mesures sur chacune d'entre elles. Les crevettes ont ensuite été pesées, sexées, et la longueur a été mesurée. Deux pléopodes ont été prélevés pour réaliser le génotypage. Les individus ont été congelés selon le protocole habituel en place à OSO, répartis en 10 cartons de 100 crevettes et transportés par bateau jusqu'en France.

1.2.2 – Phénotypage à l'usine de transformation

La seconde partie du phénotypage s'est déroulée en janvier 2021, pendant 5 jours à l'entreprise MITI (usine de transformation et cuisson de crevettes), dans la région de Nantes. Chaque matin une série d'environ 200 crevettes a été décongelée en suivant au maximum le protocole habituel de l'usine. Chacun des animaux a été identifiée par sa puce RFID et assigné à un numéro d'ordre de passage puis à nouveau pesé. L'épaisseur a été mesurée au pied à coulisse. Une photographie a été réalisée sur fond bleu uni avec une échelle de longueur visible et un étalon gris pour pouvoir corriger les variations de luminosité. Chaque crevette était placée au maximum au même endroit sur l'image avec son numéro d'ordre visible à côté (Figure 3).



Figure 3 : Photo de la crevette crue numéro 1

Enfin, des mesures de texture ont été acquises avec un texturomètre Andilog (Figure 4). Cet appareil démarre à une hauteur définie au-dessus de la surface de la table d'expérimentation (à 17 ou 22 mm de hauteur selon les séries de crevettes) puis descend de manière régulière de 2 mm par seconde en traversant l'échantillon. Il enregistre la force appliquée au cours de la descente nécessaire pour conserver une vitesse régulière ainsi que la force maximale mesurée. Il s'arrête à 2 mm de la table d'expérimentation avant de remonter. Les données ont été transférées dans un fichier Excel. Pour chaque crevette 100 points ont été conservés selon un déplacement régulier à partir du moment où l'appareil détecte une augmentation de la force à appliquer. Il est nécessaire de nettoyer l'outil et de le remettre à zéro entre chaque échantillon pour ne pas fausser les mesures suivantes. Cette analyse a été réalisée sur le segment 1 de la queue de chacun des mille individus.



Figure 4 : crevette crue positionnée sous le texturomètre

Le midi les crevettes analysées dans la matinée ont été cuites en suivant au maximum les procédures industrielles, notamment en triant par calibre pour adapter le temps de cuisson. A la fin de la cuisson elles ont été refroidies dans de la glace fondante et ont reçu un nouvel ordre de passage. Elles ont été photographiées une nouvelle fois selon le même protocole sur leur autre flanc pour que la marque de la mesure de texture n'apparaisse pas. Une seconde mesure de texture a ensuite été réalisée selon le même protocole que les crues mais sur le segment 3 de la queue des crevettes afin d'éviter le segment 1 déstructuré par la mesure sur le cru. Enfin, les échantillons ont été une nouvelle fois scannés pour relier la puce RFID à leur ordre de passage, mesurés en épaisseur au pied à coulisse (sur le segment 3) et pesés en entier avant de séparer la tête et la queue, pour les peser.

1.3 – Acquisition des données de génotypage

Les panels existants pour d'autres populations de crevettes se montrant inadaptés, il a été décidé de développer un panel spécifique à la population de *Penaeus monodon* de Madagascar. Préalablement à ce stage, le génome complet de 30 trios d'individus a été séquencé par technologie NovaSeq. Environ 6 millions de SNP ont ainsi été détectés puis filtrés par la qualité des données de séquence. Parmi eux, 1500 SNP répartis sur le génome ont été sélectionnés. Les échantillons prélevés sur les individus de l'étude ainsi que sur d'autres individus (environ 2000 animaux au total) ont été génotypés par technologie AgriSeq (© ThermoFischer) sur ces 1500 SNP. Brièvement, la technologie AgriSeq consiste à séquencer de courtes portions d'intérêt du génome (environ 200bp) en les ciblant par amplification PCR. Ce génotypage a été réalisé par le laboratoire Gentyane (Clermont Ferrand).

2 - Analyse des données de génotypage

2.1 - Contrôle de qualité des données de génotypage

Au cours de ce stage, pour pouvoir réaliser l'assignation de parenté de manière fiable il a été nécessaire d'effectuer un contrôle qualité des données. Les données brutes issues du génotypage étaient composées de 1500 SNP et 2164 individus. 12 SNP se sont révélés trialleliques, non exploitable par les routines d'analyse qui suppose des SNP dialléliques. Le génotypage ayant été imparfait, et ces données constituant le premier test du panel, le taux de données disponibles (aussi appelé « call-rate ») s'élevait à seulement 37,7%, soit 62,3% de données manquantes. Il est nécessaire d'effectuer des tris, basés sur des contrôles qualités des SNPs et des individus. Un premier tri sur le call-rate à 10% sur les SNP et les individus a éliminé tout ce qui contenait plus de 90% de données manquantes, c'est-à-dire 319 individus et 544 SNP, ces individus et SNP étant de toute façon trop peu renseignés pour pouvoir être récupérables et utilisables. Ceux restants sont triés en augmentant le call-rate pour les SNPs jusqu'à 90%, ce qui en conserve 221. Le call-rate est ensuite augmenté pour les individus jusqu'à un seuil de 80%, conservant 1712 animaux, compromis choisis pour garder un maximum d'individus et un minimum de données manquantes (environ 3 %). La vérification de la qualité des SNP est ensuite réalisée par 2 contrôles. Sont éliminés les 23 SNP avec une MAF (Minor Allele Frequency) inférieur à 5%, c'est-à-dire dont l'allèle le plus rare apparaît moins de 5 % du temps, ainsi que, dans ceux restants, les 77 SNP fortement éloignés de l'équilibre de Hardy-Weinberg (avec un seuil à 10^{-9}). Cela aboutit à un jeu de données constitué de 121 SNP, 1712 individus et 3% de données manquantes.

Les parents des individus à étudier ont chacun été génotypés en double pour limiter les données manquantes sur eux. Sur les 81 parents de départ 1 mère a été supprimée lors des contrôles de call-rate et pour 4 individus un seul des dupliqua de génotypage a passé les contrôles de qualité. Pour les 76 autres les 2 génotypages ont été combinés pour en créer un seul, le plus fiable possible. Quand les données étaient identiques sur les 2 elles ont été conservées telles quelles. Quand elles manquaient sur seulement un dupliqua la donnée présente sur l'autre a été conservée. Quand les données étaient présentes sur les 2 dupliqua mais différentes, plusieurs cas sont possibles : soit l'un des échantillons était clairement mieux génotypé que l'autre (selon le call-rate) dans ce cas la donnée de celui-ci était conservé ; soit la qualité d'échantillonnage n'était pas clairement différente et il y avait peu de conflits (moins de 10 sur les 121 SNPs), dans ce cas les génotypes en conflits étaient dévalidés et considérés comme donnée manquante ; soit la qualité d'échantillonnage n'était pas clairement différente

(call-rate similaire) et il y avait beaucoup de conflits (plus de 10), dans ce cas les 2 échantillons ont été conservés, renommés afin d'être différenciables pour être testés ensuite séparément lors de l'assignation de parenté (cas pour 5 parents).

Les génotypes des descendants du lot à étudier ont été extraits avec R. Sur les 1000 génotypés au départ, 920 ont passés l'ensemble des contrôles précédents. Sur ces 920 individus, 4 identifiants étaient présents en double cependant les génotypes étant très différents, suggérant des erreurs de saisie des identifiants. De plus 8 paires de crevettes présentaient plus de 90% de similitude de génotype, cela étant quasi-impossible naturellement, cela suggère de nouveau une erreur de traçabilité. Tous ces individus ont donc été éliminés du jeu de données pour l'analyse.

2.2 - Assignation de parenté

L'assignation de parenté a été tenté en premier lieu avec le package APIS (Griot et al., 2020) dans R. 902 descendants et 80 parents ont été entrés pour l'assignation avec un taux d'erreur de 1%. Pour tenter d'améliorer le résultat obtenu et confirmer les assignations d'APIS une deuxième tentative a été réalisée avec le logiciel COLONY (Jones et Wang, 2010). Ce logiciel utilise les génotypes des pères, mères et descendants pour retrouver les liens de parenté en cherchant le maximum de vraisemblance pour chaque individu. Si aucun des parents proposés ne semblent convenir il reconstitue les génotypes manquants les plus probables. Les données issues des 2 outils ont ensuite été comparées pour conserver le maximum d'assignations fiables.

3 - Analyse des caractères

3.1 - Caractères de croissance : analyse des données de poids, longueur, épaisseur et rendement

Les données phénotypiques issues des différentes mesures ont été extraites d'une base de données sous Access puis travaillées sous R. Elles ont permis de calculer une nouvelle variable, le rendement en queue (Rend), de deux façons différentes. D'une part avec la formule : Rend = Poids queue/ Poids total après cuisson, et d'autre part en conservant les résidus du modèle linéaire du poids de la queue en fonction du poids total après cuisson (Rend_{Res}). Les corrélations linéaires entre les différents poids, la longueur, les épaisseurs ainsi qu'avec les deux variables représentant le rendement ont été visualisées et analysées avec le logiciel R. L'effet du sexe a aussi été observé. Les résidus de certaines corrélations ne suivant pas une loi normale, les paramètres de poids, de longueur et le rendement ont subis une transformation logarithmique. Cela a ensuite permis de construire un premier modèle animal pour l'analyse génétique. Les héritabilités ont été calculées avec le logiciel Blupf90 (Mitzsal et al., 2002) en suivant le modèle linéaire mixte univarié :

$$y_i = X_i b_i + Z_i u_i + e_i$$

Où y_i est le vecteur de performance pour le caractère i expliqués par b_i , u_i , e_i qui correspondent respectivement au vecteur de l'effet fixe du sexe, au vecteur des effets génétiques additifs et au vecteur de l'erreur résiduelle. Un effet moyenne est aussi pris en compte. X_i est la matrice d'incidence de b_i et Z_i est la matrice d'incidence de u_i . $e_i \sim N(0, I\sigma^2_e)$ est un vecteur normalement distribué contenant des résidus de moyenne nulle, I est la matrice identité et σ^2_e est la variance résiduelle. La structure de covariance a été calculée à l'aide de la matrice de relation généalogique (A), où u_i suit une distribution normale $N(0, A\sigma^2_a)$ avec une moyenne nulle, et σ^2_a est la variance génétique additive. L'héritabilité des modèles entre les différents caractères de croissance a été estimée par le rapport de la variance génétique

additive σ^2_a et de la variance phénotypique totale $\sigma^2_p = \sigma^2_a + \sigma^2_e$. Les corrélations génétiques ont été estimées par des modèles linéaires mixtes bivariés par paire de caractères.

Enfin de potentiels effets maternels et du jour de ponte ont été testés. Les effets maternels ont été ajoutés en test comme effet aléatoire, les jours de ponte ont été testés à la fois en temps qu'effet fixe et en tant qu'effet aléatoire. Pour déterminer la pertinence des effets, le critère d'Akaike (AIC) des modèles avec l'effet supplémentaire a ensuite été comparé à celui du premier modèle.

3.2 – Caractères de qualité : analyse des données de texture et de couleur

Une vérification du fichier de données de texture a été réalisée pour corriger les erreurs d'enregistrement de l'appareil de mesure. En effet certaines séries étaient copiées en double, certaines courbes incomplètes ou ne démarraient pas dès les premiers points. De plus les derniers points des courbes correspondaient à la remontée de l'appareil, il était nécessaire de vérifier que les forces appliquées restent négatives pour ne pas fausser les calculs effectués plus tard. Une fois les données nettoyées, elles ont été passées dans une macro Excel, déjà existante et testée sur d'autres jeu de données (dans la thèse de Diane Yéléhi par exemple (Yéléhi, 2021)), permettant de tracer chacune des courbes en y plaçant le point de la première rupture, ainsi que de calculer plusieurs variables telles qu'une épaisseur, la Force maximale (F_{max}) des 100 points enregistrés ainsi que l'aire sous la courbe totale et jusqu'au point de rupture. Les points de rupture ont ensuite chacun été vérifiés car la macro était parfois inexacte dans le placement. Les données ont été relevées aussi pour un second point de rupture. Ces différents paramètres sont présentés sur la figure ci-dessous (Figure 5) :

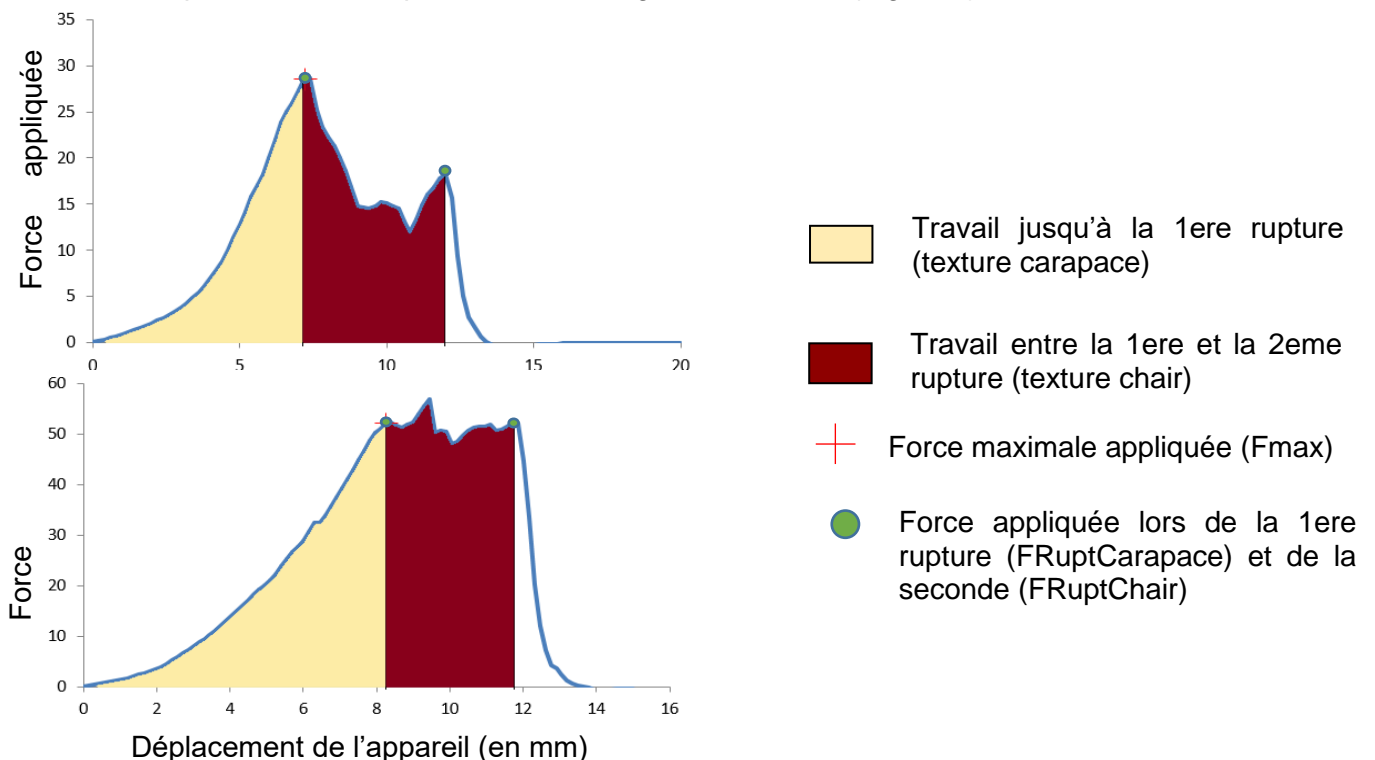


Figure 5: Courbe de texture crue (au-dessus) et cuite (en dessous) après la macro avec les différents paramètres étudiés

Avec l'ensemble de ces valeurs une analyse phénotypique des corrélations linéaires entre les variables de texture ainsi qu'avec les variables de croissance évoquées précédemment a

été réalisé grâce au logiciel R. Les héritabilités et corrélations génétiques ont été analysées grâce au logiciel Blupf90. Le modèle animal utilisé a cependant été adapté, l'épaisseur (celle mesurée au pied à coulisse) a été ajoutée en covariable.

Les couleurs des crevettes crues et cuites ont été analysées grâce au logiciel ImageJ. Une macro a préalablement été développée afin de transformer les images dans l'espace colorimétrique RGB (Rouge Vert Bleu) vers l'espace colorimétrique $L^* a^* b^*$ utilisé pour cette étude (Figure 6).

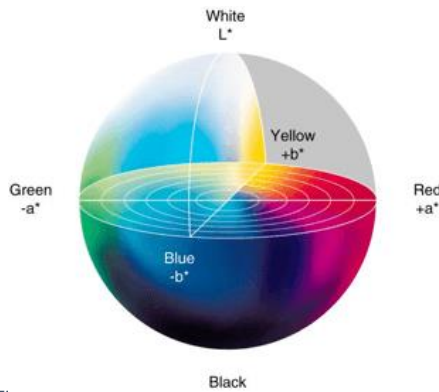


Figure 6 : représentation du modèle de couleur $L^*a^*b^*$ (Agudo et al, 2014)

De plus la macro a permis de placer des zones de taille identique sur chacun des individus. Deux zones ont été placées manuellement sur chaque photo, la première au centre du segment 1 de la queue et la seconde au centre du segment 3 de la queue car cela correspond à des zones relativement homogènes en couleur et là où les mesures de texture ont été effectuées. Les zones ont été positionnées au maximum centrées de façon identique tout en évitant d'inclure les bandes de couleur présentes sur les animaux ainsi que des morceaux d'antennes ou de pattes. Pour chaque zone une valeur moyenne de la couleur des pixels a été calculée sur les axes L^* , a^* et b^* . De la même façon que pour les caractères précédents les données ont été analysées phénotypiquement avec R et génétiquement avec Blupf90, en comparant les variables de couleurs entre elles puis avec les autres catégories de caractères.

III - Résultats

1 – Assignation de parenté

Tout d'abord, les contrôles qualité des données avec Plink ont amené aux résultats suivants (Tableau 1):

Test	NbInd Restants	PropInd Restants	NbSNP Restants	PropSNP Restants	Taux de données
Donnees brutes	2164	100	1500	100	
Sans trialléliques	2164	100	1488	99,2	37,7
Call-rate10%	1845	85,26	944	62,93	43,4
Call-rateSNP90%	1845	85,26	221	14,73	68,5
Call-rateInd80%	1712	79,11	221	14,73	97
MAF5%	1712	79,11	198	13,2	97
HW10-9	1712	79,11	121	8,07	96,9

Tableau 1: Evolution du nombre et des proportions restantes d'individus, de SNP et de la proportion de données présentes après chacun des différents contrôles qualité

Les contrôles effectués avec Plink ont conduit à conserver un jeu de données constitué de 121 SNP, 1712 individus et 3% de données manquantes. Après sélection du lot à étudier et les contrôles supplémentaires effectués dans R, 902 descendants sur les 1000 de départ et 80 parents sur les 81 ont été conservés pour réaliser l'assignation de parenté.

La première tentative d'assignation de parenté avec APIS a abouti à un taux d'assignation de 78,05% correspondant à 704 crevettes sur les 902 descendants entrés. Une mère était manquante pour l'assignation et 5 pères n'avaient aucun descendant assignés. Une deuxième tentative d'assignation a été réalisée cette fois avec le logiciel COLONY. A la différence d'APIS ce logiciel assigne l'intégralité des descendants soit aux parents existants soit, si aucun parent ne permet une assignation, en reconstituant *in silico* des individus avec un génotype compatible avec les descendants. Les résultats des 2 assignations ont ensuite été comparés. Un pédigrée identique a été obtenu pour 695 individus (sur les 704 assignés par APIS). Pour les 9 restants COLONY assignait des parents artificiels avec une forte probabilité, sauf pour 2 d'entre eux où COLONY proposait le même couple qu'APIS mais avec une faible probabilité. De plus les assignations d'APIS pour ces individus contenaient soit de nombreux *mismatches* (parfois 8 à 10) soit possédaient des différences de probabilités très faibles avec les propositions de couples suivants, indiquant une assignation peu fiable. Le pédigrée proposé par APIS pour ces 9 individus n'a donc pas été conservé. Ensuite, sur les 198 individus non assignés par APIS, 55 étaient assignés avec une forte probabilité par COLONY aux parents correspondants au couple le plus probable selon APIS (même si pour ce dernier la probabilité calculée par APIS était insuffisante pour valider l'assignation), ces 55 individus ont été conservés. Enfin grâce au logiciel COLONY la mère manquante a été reconstituée par le logiciel. En effet, la plupart des parents créés étaient associés seulement à quelques descendants (moins de 5) à l'exception d'une des mères reconstituées qui était assignée à 40 descendants dont 39 avec un père réel. D'après la cohérence de ces données les 39 descendants assignés avec cette mère et des pères réels ont été conservés.

Ainsi 789 individus, c'est-à-dire 87,47% des descendants sur les 902 de départ, ont été assignés.

2 – Caractères de croissance

2.1 – Analyse phénotypique

Tout d'abord les corrélations phénotypiques ont été analysées entre les différents poids, la longueur et l'épaisseur mesurée au pied à coulisse avant et après cuisson sur les segments 1 et 3 sur 773 individus, ceux ne présentant aucune donnée manquante. Sont représentés sur la diagonale la répartition des données, dans la partie inférieure les nuages de points colorés selon le sexe et dans la partie supérieure les coefficients de corrélation avec un seuil de p-value à 0.05 pour *, 0.01 pour ** et 0.001 pour *** (Figure 10).

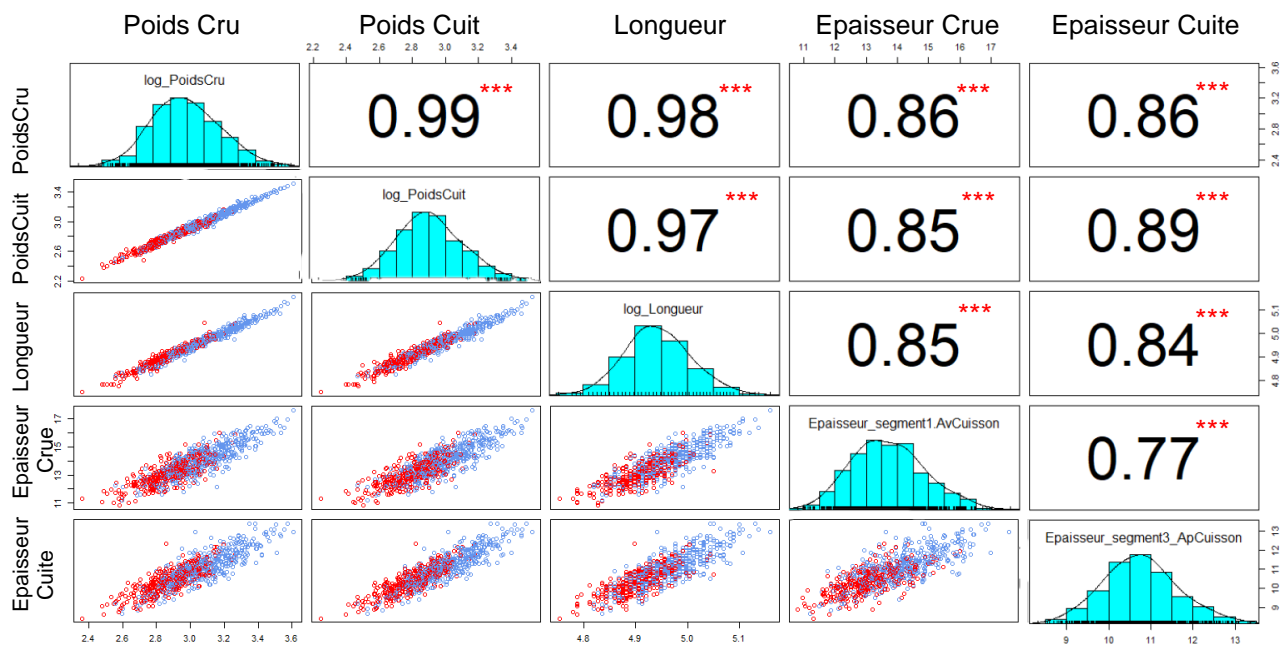


Figure 10 : Corrélations linéaires phénotypiques colorées par sexe (femelles en bleu et mâles en rouge) entre les poids avant et après cuisson, la longueur et l'épaisseur des segments 1 et 3 des individus avec la répartition des données

Les corrélations entre ces différents paramètres sont apparues fortes et significatives pour l'ensemble d'entre elles. Elles sont légèrement plus faibles lors d'une comparaison avec les épaisseurs mais restent tout de même très importantes. Il existe de plus une différence entre les mâles et les femelles (Figure 11).

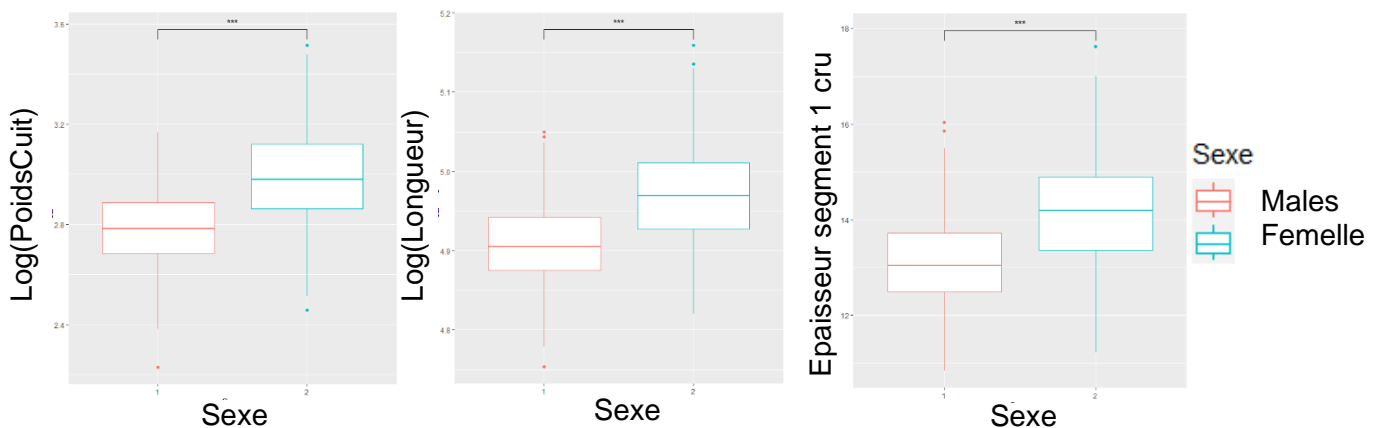


Figure 11 : Boxplots des données de log du poids cuit, de log de la longueur et d'épaisseur du segment 1 cru selon le sexe

L'effet du sexe est fortement significatif pour ces paramètres, il a donc ensuite été pris en compte comme effet fixe dans les tests d'héritabilité et de corrélation génétique.

Ensuite les corrélations avec le rendement calculé de 2 manières différentes ont abouti aux résultats suivants (Figure 12) :

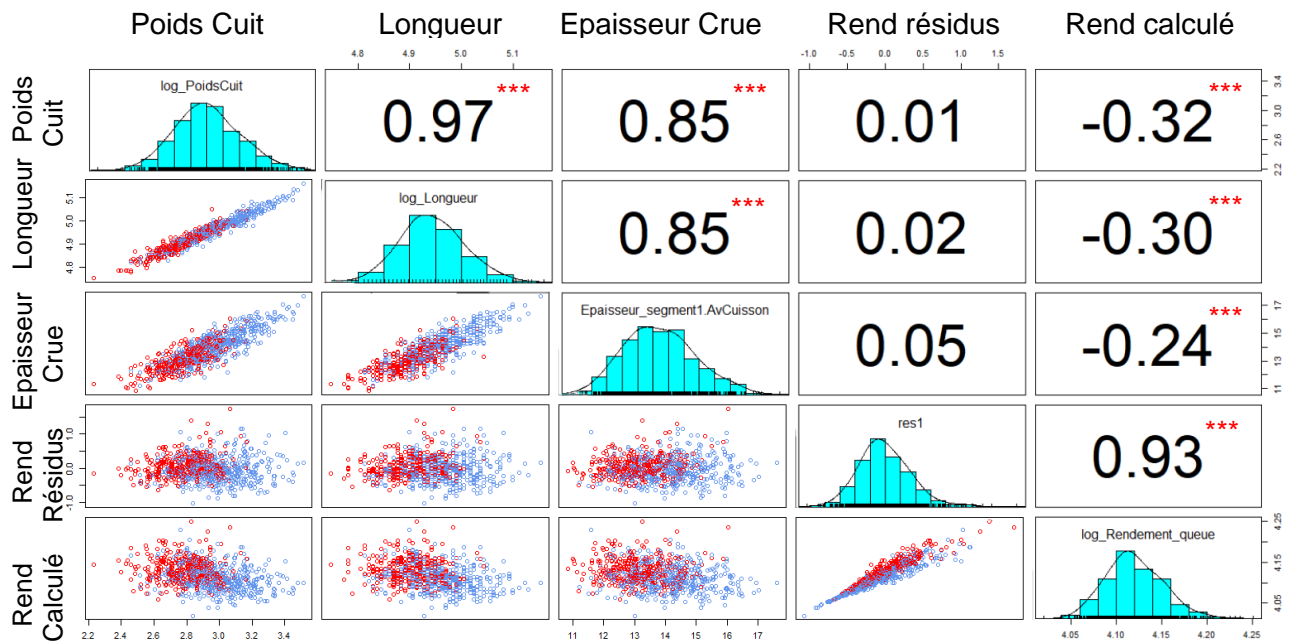


Figure 12 : Corrélations linéaires phénotypiques colorées par sexe (femelles en bleu et males en rouge) entre le poids après cuisson, la longueur, l'épaisseur du segment 1 cru et le rendement calculé ou issus des résidus du poids total cuit selon le poids de la queue

Cette figure montre que les 2 méthodes de calcul du rendement sont fortement corrélées entre elles, la variance n'est pas constante sur la gamme de valeurs, elle augmente avec les valeurs de rendement plus fortes. De plus les corrélations avec les paramètres de croissance sont significativement différentes selon le mode de calcul du rendement. Les résidus de la corrélation linéaire entre le poids total cuit et le poids de la queue n'ont semblé corrélés à aucun des paramètres de croissance. Ils ne suivent pas complètement une loi normale cependant la transformation logarithmique n'était pas envisageable à cause de la présence d'un grand nombre de valeurs négatives dans cette variable. En revanche les données de rendement obtenu par calcul puis transformation logarithmique semble significativement corrélés négativement aux paramètres de croissance.

2.2 – Construction du modèle et analyse génétique

Pour construire le modèle animal utilisé pour obtenir les héritabilités et corrélations génétiques différents effets ont été testés. Le sexe présentant une forte influence phénotypique a ainsi été ajouté comme effet fixe. D'autre part les effets maternels ont été testés comme effet aléatoire sur l'ensemble des paramètres de croissance. Ils ne sont apparus significatifs pour aucun des paramètres sauf pour la variable de l'épaisseur du segment 3 cuit. Choissant le modèle le plus parcimonieux les effets maternels n'ont ensuite pas été inclus dans les modèles génétiques. De la même façon l'effet du jour de ponte a été testés à la fois en effet fixe et en effet aléatoire. Phénotypiquement une différence de poids significative existe entre les jours de ponte 1 et 2 mais cela ne s'observe pas entre l'ensemble des autres jours. Génétiquement, la différence de log-likelihood entre les modèles avec et sans effet jour de

ponte est inférieure à 3.84 (ce qui correspond à un seuil de confiance de 95%) donc aucune différence significative n'est observée. Ainsi les effets du jour de ponte n'ont pas été conservés dans le modèle. Les héritabilités ainsi que les corrélations génétiques ont ensuite été calculées pour les différents caractères sur les 789 individus assignés (Tableau 2).

	log(PoidsCru)	log(PoidsCuit)	log(Longueur)	Epaisseur Crue	Epaisseur Cuite	RendRes	log(Rend)
log(PoidsCru)	0,53±0,09	0,99±0,00	0,99±0,01	0,99±0,02	0,95±0,03	0,18±0,28	-0,41±0,26
log(PoidsCuit)		0,50±0,09	0,99±0,01	1,00±0,01	0,95±0,03	0,16±0,31	-0,40±0,26
log(Longueur)			0,53±0,09	0,97±0,02	0,95±0,03	0,11±0,27	-0,48±0,31
EpaisseurCrue				0,41±0,09	0,97±0,03	0,34±0,25	-0,28±0,33
EpaisseurCuite					0,37±0,08	0,29±0,29	-0,26±0,38
RendRes						0,14±0,05	0,75±0,61
log(Rend)							0,12±0,05

Tableau 2 : Matrice des héritabilités (sur la diagonale) et corrélations génétiques deux à deux pour les paramètres de croissance

Les héritabilités de poids et de longueur sont très fortes avec des valeurs autour de 0,50 et des erreurs standards inférieures à 0,1. Les épaisseurs ont une héritabilité légèrement plus faible mais restant importante. De même les corrélations génétiques entre ces paramètres sont extrêmement fortes avec des valeurs supérieures à 0,95 et des marges d'erreur très faibles. Pour les paramètres de rendement les 2 variables proposées aboutissent à une héritabilité identique significativement et existante bien que relativement faible entre 0,10 et 0,15. La corrélation génétique entre les 2 variables de rendement est existante et positive mais avec une erreur standard très élevée. Les corrélations avec les autres paramètres sont significativement nulles pour le rendement issu des résidus sauf avec l'épaisseur du segment 3 cuit où une légère corrélation positive est observée. Pour la 2eme variable de rendement les corrélations sont significativement négatives avec les poids et la longueur et nulles avec les épaisseurs. L'ensemble des corrélations liées aux rendements possèdent des erreurs standards relativement élevées.

3 – Caractères de qualité : texture et couleur

3.1 – Analyse de la texture

Les données ont été analysées phénotypiquement sur 836 individus (ceux ne présentant aucune donnée manquante) pour les paramètres crus et cuits ce qui a abouti aux résultats suivants (figures 13 et 14):

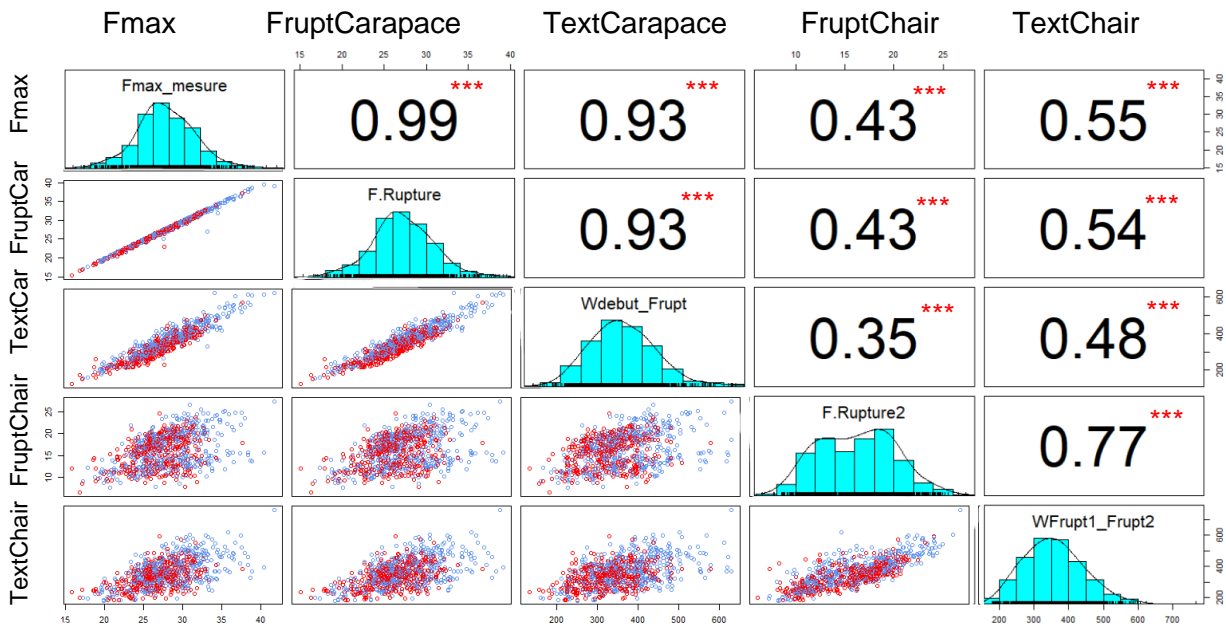


Figure 13 : Corrélations linéaires phénotypiques entre les paramètres de texture crue colorées selon le sexe (femelles en bleu et males en rouge)

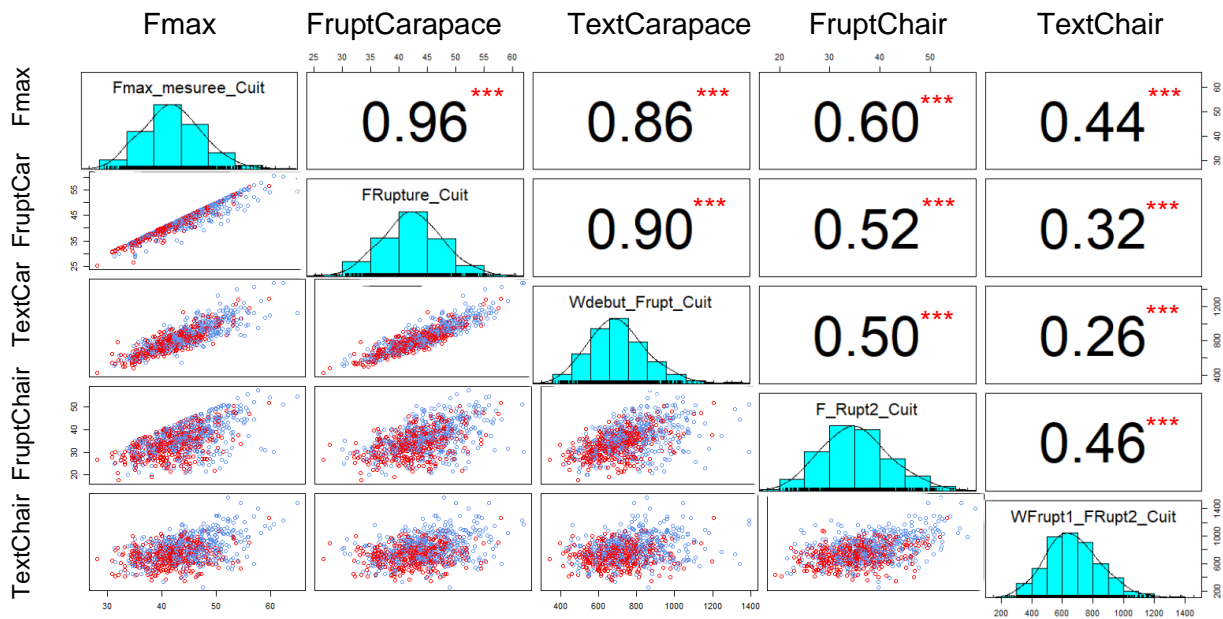


Figure 14 : Corrélations linéaires phénotypiques entre les paramètres de texture cuite colorées selon le sexe (femelles en bleu et males en rouge)

En cru comme en cuit les corrélations entre Fmax, FruptCarapace et la texture de la carapace (travail du début jusqu'à FruptCarapace) sont extrêmement fortes. Celles entre F rupture de la chair, la texture de la chair et les autres paramètres sont plus modérées mais

existantes et significatives avec l'ensemble des variables. L'effet du sexe semble moins nettement visible selon les caractères que pour les paramètres de croissance.

Le modèle animal pour l'analyse génétique a été adapté. En effet après différents essais il est apparu que l'épaisseur influait significativement sur les héritabilités. Cette variable a donc été ajoutée dans le modèle en tant que covariable. Il a été choisi de conserver pour cela l'épaisseur mesurée au pied à coulisse et non pas celle mesurée par l'appareil de texture Andilog car cette dernière amenait à sous-estimer les héritabilités et certains modèles bi-caractères ne convergeaient pas. Même ainsi certains modèles n'ont pas convergé vers un résultat ou ont parfois convergé après un grand nombre de round ce qui amenait à des résultats aberrants, ils ont été notés NA dans la matrice de résultats suivante (Tableau 3):

	FmaxCru	FruptCarap Cru	TextCarap Cru	FruptChair Cru	TextChair Cru	FmaxCuit	FruptCarap Cuit	TextCarap Cuit	FruptChair Cuit	TextChair Cuit
Fmax Cru	0,32±0,07	1,00±0,00	0,99±0,01	0,37±0,32	0,79±0,26	0,84±0,09	0,87±0,09	0,90±0,09	0,58±0,23	0,94±0,08
FruptCarap Cru		0,32±0,07	0,99±0,01	0,36±0,32	0,79±0,26	0,83±0,09	0,86±0,09	0,90±0,10	0,58±0,23	0,94±0,07
TextCarap Cru			0,32±0,08	0,99±0,01	0,82±0,22	0,70±0,13	0,75±0,13	0,89±0,11	0,58±0,24	NA
FruptChair Cru				0,09±0,05	0,67±0,41	0,32±0,34	0,29±0,37	0,31±0,40	0,66±0,41	0,48±0,32
TextChair Cru					0,16±0,05	0,64±0,20	0,66±0,22	0,73±0,22	0,60±0,29	0,84±0,14
Fmax Cuit						0,28±0,07	NA	0,95±0,06	0,97±0,17	0,95±0,05
FruptCarap Cuit							0,23±0,07	0,95±0,08	0,99±0,20	0,95±0,08
TextCarap Cuit								0,19±0,06	0,90±0,26	0,88±0,17
FruptChair Cuit									0,15±0,05	0,73±0,21
TextChair Cuit										0,27±0,07

Tableau 3 : Matrice des héritabilités et corrélations génétiques des paramètres de texture

Les héritabilités en cru de Fmax, de Frupt carapace et de la texture de la carapace sont modérées avec des valeurs autour de 0,3. De même les corrélations génétiques entre ces 3 variables sont quasiment égales à 1. Cela est aussi cohérent avec les corrélations phénotypiques étudiées précédemment. La Frupt chair crue et la texture de la chair crue présentent des héritabilités faibles mais significativement existantes. Les corrélations génétiques avec les autres paramètres en cru sont modérées à forte avec des erreurs standard élevées. La corrélation génétique de Frupt chair est extrêmement forte avec la texture de la carapace alors qu'elle n'est que modérée avec Fmax et Frupt carapace.

Les héritabilités des textures cuites sont légèrement plus faibles que les crues pour Fmax, Frupt carapace et la texture de la carapace mais restent existantes et modérées. En revanche l'héritabilité de Frupt chair très faible en cru devient un peu plus forte après cuisson et l'héritabilité de la texture de la chair est pratiquement doublée en cuit. Les corrélations génétiques sont très fortes entre les différents paramètres après cuisson. Pour l'ensemble des paramètres leur corrélation entre les valeurs crues et cuites est très forte, autour de 0,85 (sauf pour Frupt chair où elle est légèrement plus faible (0,66) et avec une erreur standard très élevée (0,41)). Les autres corrélations présentent aussi de fortes valeurs pour la plupart à l'exception de Frupt chair crue qui semble peu corrélée aux paramètres cuits. Cette dernière présentant aussi l'héritabilité la plus faible ces résultats semblent cohérents.

3.2 – Analyse de la couleur

Les analyses phénotypiques ont été réalisées sur 980 individus en s'intéressant entre les zones 1 et 2 (correspondant aux segments 1 et 3 de la queue des individus) en cru puis entre les zones 2 entre cru et cuit. La zone 1 sur les individus cuits n'a pas été analysée car la mesure de texture apparaissait par transparence et influençait les résultats. Cela a mené aux résultats suivants (Figure 15) :

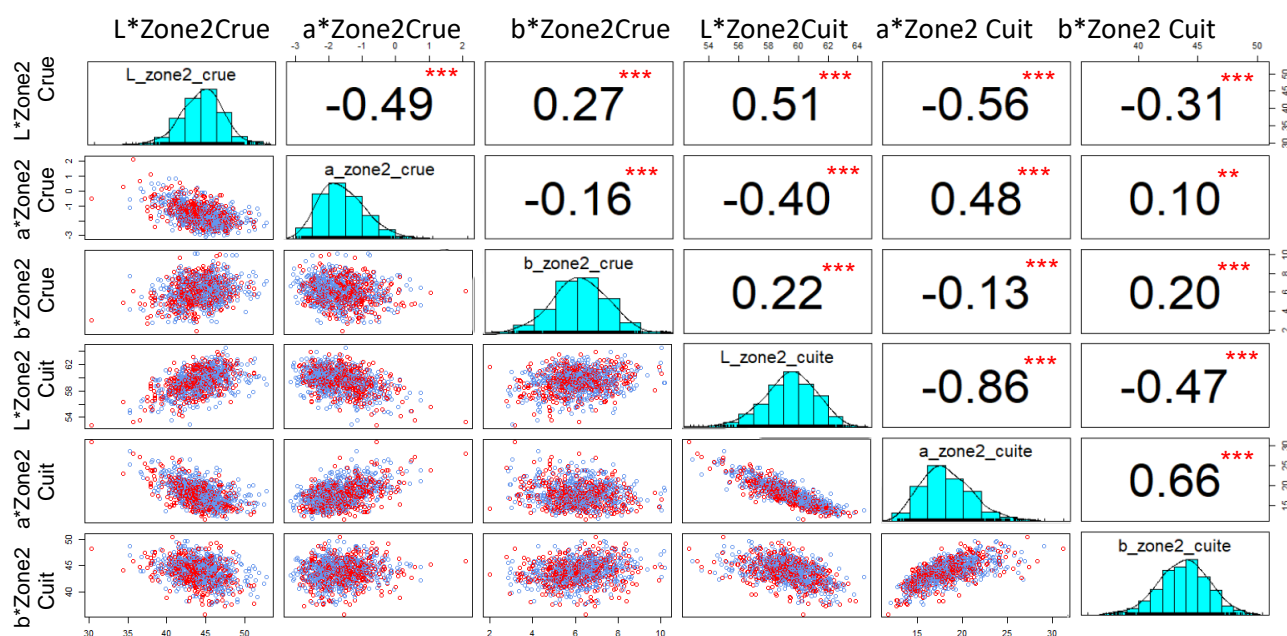


Figure 15 : Corrélations linéaires phénotypiques entre les paramètres de couleur crue et cuite sur la zone 2 colorées selon le sexe (femelles en bleu et males en rouge)

L'effet sexe n'est plus visible pour ces paramètres. L'ensemble de ces corrélations linéaires paraissent modérées voir faibles mais restent significatives. Notamment les corrélations entre les données d'un axe en cru et en cuit ne sont pas très élevées (coefficient de corrélation inférieur à 0,5). L'axe L* semble fortement corrélé avec l'axe a* en cru comme en cuit.

Le modèle utilisé pour l'analyse génétique est le même que celui pour les paramètres de croissance. Seules les corrélations génétiques jugées utiles pour l'interprétation des données ont été calculées (Tableau 4).

	L*Zone1 Cru	a*Zone1 Cru	b*Zone1 Cru	L*Zone2 Cru	a*Zone2 Cru	b*Zone2 Cru	L*Zone2 Cuit	a*Zone2 Cuit	b*Zone2 Cuit
L*Zone1Cru	0,16±0,05	-0,69±0,22	0,32±0,27	0,89±0,22			0,80±0,18		
a*Zone1Cru		0,23±0,06	-0,11±0,23		0,92±0,07			0,50±0,20	
b*Zone1Cru			0,27±0,07			0,98±0,02			0,42±0,26
L*Zone2Cru				0,14±0,05	-0,72±0,25	0,53±0,26	0,76±0,23		
a*Zone2Cru					0,21±0,06	-0,12±0,22		0,38±0,23	
b*Zone2Cru						0,38±0,08		-0,13±0,37	0,44±0,24
L*Zone2Cuit							0,06±0,21	-0,87±0,08	-0,35±0,37
a*Zone2Cuit								0,19±0,05	0,67±0,23
b*Zone2Cuit									0,15±0,05

Tableau 4 : Matrice des héritabilités et corrélations génétiques des paramètres de couleur

Pour la couleur crue les héritabilités sont faibles sur l'axe L*, qui correspond à la clarté donc aux contrastes entre individus, modérées sur l'axe a*, correspondant à l'axe du vert au rouge, et relativement fortes sur l'axe b*, correspondant à l'axe du bleu au jaune. Les corrélations génétiques pour chaque axe entre les zones 1 et 2 sont très fortes, autour de 0,90. L'axe L* semble corrélé fortement et négativement à l'axe a* ainsi que de façon modérée et positive à l'axe b*. En revanche les axes a* et b* ne semblent pas corrélés entre eux. Pour les cuites, les héritabilités sur l'ensemble des axes sont plus faibles que pour la couleur crue, elle est inexistante pour l'axe L* et faible pour les axes a* et b*. L'axe L* est à nouveau fortement corrélé négativement à l'axe a* cependant il ne semble pas corrélé à l'axe b*. Les axes a* et b* en cuit sont fortement corrélés positivement. Entre avant et après cuisson, l'axe L* est fortement corrélés positivement alors que les 2 autres axes le sont de manière plus modérée.

4 – Comparaison des différentes catégories de paramètres

Pour finir, les paramètres les plus intéressants et informatifs pour un programme de sélection ont été rassemblés et comparés génétiquement. Ont été conservés : le poids après cuisson, la longueur, le rendement issu des résidus du poids de la queue selon le poids total, les textures de chair et de carapace crues et cuites, les variables de couleur de la zone 2 présentant l'héritabilité la plus forte en cru et en cuit. De la même façon que précédemment un modèle qui n'a pas convergé est noté NA (Tableau 5).

	PoidsCuit	Longueur	RendRes	TextCarap Crue	TextChair Crue	TextCarap Cuit	TextChair Cuit	bZone2Crue	aZone2Cuit
PoidsCuit	0,50±0,09	0,99±0,01	0,16±0,31	0,99±0,02	0,74±0,16	0,92±0,12	0,95±0,05	0,17±0,17	0,22±0,23
Longueur		0,53±0,09	0,11±0,27	0,97±0,03	0,72±0,17	0,92±0,07	0,95±0,05	0,17±0,17	0,20±0,21
RendRes			0,14±0,05	0,22±0,35	-0,02±0,38	0,10±0,32	0,20±0,32	0,15±0,28	0,13±0,34
TextureCarapCrue				0,32±0,08	0,82±0,22	0,89±0,11	NA	0,04±0,21	0,36±0,24
TextureChairCrue					0,16±0,05	0,73±0,22	0,84±0,14	-0,23±0,27	0,25±0,29
TextureCarapCuit						0,19±0,06	0,88±0,17	0,06±0,25	0,43±0,31
TextureChairCuit							0,28±0,07	-0,25±0,20	0,24±0,26
bZone2Crue								0,38±0,08	-0,13±0,37
aZone2Cuit									0,19±0,05

Tableau 5 : Matrice des héritabilités et corrélations génétiques de paramètres de croissance, de texture et de couleur

Les paramètres de texture crue et cuite sont très fortement corrélés au poids et à la longueur, seul la texture de la chair crue l'est légèrement moins, cependant cela est cohérent avec son héritabilité plus faible. En revanche la texture ne semble pas corrélée au rendement. De leur côté les variables de couleur ne sont pas significativement corrélées aux paramètres de croissance. Elles ne sont pas non plus corrélées aux paramètres de texture à l'exception de la variable de couleur cuite qui est modérément corrélée à la texture de la carapace. Les erreurs standards liées aux paramètres de couleur sont à nouveau relativement élevées.

IV - Discussion

1 – Assignation de parenté

L'assignation de parenté avec l'utilisation de SNP sur la crevette a déjà prouvé son efficacité dans d'autres études (Sellars et al, 2014), il est donc cohérent d'avoir choisi cette méthode pour retrouver l'information familiale des individus. Le contrôle qualité des données a amené à effectuer un certain nombre de choix pour obtenir des résultats les plus fiables possibles tout en conservant un maximum de données. Les trialleliques ont été supprimés car même si le 3eme allèle était généralement présent sur moins de 5 individus le logiciel d'assignation n'est pas prévu pour gérer ce genre de données. La présence de SNP trialleliques s'explique car le panel n'avait encore jamais été testé et certains marqueurs trialléliques dont la fréquence de l'allèle minoritaire est très faible ont pu être identifiés par erreur comme bi-alléliques lors du développement initial du panel. Cela n'a cependant été observé que pour 12 SNP sur les 1500, les outils permettant de détecter ce type de SNP lors du développement ont donc été efficaces.

Pour les contrôles de call-rate un seuil a été choisi à 90 % pour les SNP et 80 % pour les individus. Plusieurs seuils ont été testés mais avec un seuil plus bas le pourcentage de données manquantes restait supérieur à 5 % ce qui aurait pu poser un problème aux logiciels d'assignation. A l'inverse, monter la limite à un call-rate de 90% pour les individus conservait seulement 1598 animaux au lieu des 1712 à un call-rate de 80%. Cela correspondait à une perte de 114 individus supplémentaires dont 2 parents ce qui semblait particulièrement défavorable pour l'assignation de parenté. Il est essentiel de perdre le moins possible de parents car chacun d'entre eux peut entraîner une forte perte d'assignation s'ils ont été importants lors de la reproduction. Le fait de les avoir chacun génotypé en double a été une excellente mesure pour permettre un maximum d'assignation. Cela a permis d'une part de perdre moins d'informations, sur les 81 parents 1 seul a été complètement perdu et 5 ont vu une des 2 versions éliminée lors des contrôles. Sans cette précaution du double génotypage il aurait pu y avoir jusqu'à 6 parents manquants pour l'assignation. D'autre part les génotypes conservés en double lors des contrôles ont aussi été utiles en permettant de comparer les 2 informations et de corriger certaines erreurs de génotypages. Cela a montré que sur certains individus il pouvait y avoir jusqu'à 10 % de différence de génotypes entre les 2 génotypages. Ainsi on peut supposer que sur les descendants des erreurs de génotypage sont aussi présentes. Ne disposant pas de l'information plusieurs fois elles ne sont pas corrigées. Cela explique la présence de mismatches dans les assignations d'APIS.

La difficulté à assigner l'ensemble des descendants s'explique par la proportion importante de données manquantes dans les données brutes de génotypage (environ 63 %). Cela a entraîné la suppression d'un certain nombre d'individus qui sont donc automatiquement non assignés ainsi que d'un grand nombre de SNP, non pas sur leur utilité réelle pour l'assignation mais sur la réussite de leur génotypage. Les erreurs de génotypage évoquées précédemment ne favorisent pas non plus l'assignation. De plus cette étude est la première tentative d'assignation avec ce panel, par conséquent les SNP ne sont pas optimisés, n'ayant jamais été testés auparavant. Cela explique qu'il n'en reste que 121 après l'ensemble des contrôles et conserver un nombre aussi limité de SNP n'est pas optimal pour l'assignation de parenté. La majorité des SNP du panel n'ont donc pas été réellement efficaces, cependant suffisamment le sont et permettent tout de même de réaliser l'assignation de parenté. En effet d'après APIS la puissance théorique du panel était de 98,9 % d'assignation.

Il est intéressant que le logiciel COLONY avec un mode de calcul différent confirme la quasi-intégralité des résultats proposés par APIS. Cela permet de valider la fiabilité des résultats. Les 9 résultats divergents entre APIS et COLONY amenaient à choisir entre la maximisation d'assignation en conservant les individus concernés ou la fiabilité en ne gardant pas ces assignations. En observant les différentes probabilités il a été jugé que ces assignations ne semblaient pas assez fiables, elles n'ont donc pas été conservées. En revanche pour les 55

individus assignés avec une forte probabilité par COLONY aux parents correspondants au couple le plus probable selon APIS il a été jugé que ces assignations étaient suffisamment fiables. En effet même si selon APIS la probabilité d'assignation n'était pas suffisante, le fait qu'un autre logiciel arrive à un résultat identique (et avec une probabilité forte cette fois) confirment la fiabilité du résultat. Pour la mère manquante COLONY a permis de réaliser des assignations grâce à un individu parent reconstitué. 39 descendants y été associés, ce qui est bien supérieur aux nombres de descendants associés aux autres parents reconstitués par COLONY pour compléter les assignations. Les 211 individus restants n'ont pas pu être assignés ce qui peut être lié à des erreurs de traçabilité ainsi qu'aux erreurs de génotypage.

2 – Paramètres génétiques des caractères de croissance

L'ensemble des 1000 individus ne sont pas utilisés pour l'analyse à la fois car les données comprennent des manques de données sur quelques individus et quelques données aberrantes supprimées. Les fortes corrélations phénotypiques observées entre la longueur, le poids et les épaisseurs rassurent sur la cohérence des données. Il n'est en effet pas étonnant que les crevettes les plus lourdes soient aussi les plus longues et les plus épaisses, elles sont simplement globalement plus grosses. Les données ont subi une transformation logarithmique car elles ne suivaient pas exactement une loi normale (visualisée sous forme de graphique quantile-quantile). Cependant, bien que plus correct statistiquement, cela ne changeait pas significativement les résultats de paramètres génétiques. La différence observable entre les mâles et les femelles montre que ces dernières sont en moyenne significativement plus lourdes, longues et épaisses que les mâles. Ce constat n'est pas illogique, il est connu que chez la crevette les femelles ont une croissance plus rapide que les mâles ce qui explique cette différence de taille observée ici sur des animaux d'âge identique (Gopal et al, 2010).

Le caractère de rendement en queue est complexe à estimer de manière rigoureuse et utilisable statistiquement. Les 2 méthodes testées ici ont chacune leurs avantages et inconvénients. Le calcul avec la formule classique du rendement permet une compréhension plus simple des résultats ainsi qu'une transformation logarithmique, cependant utiliser les données issues d'un ratio de 2 variables de poids pour ensuite réaliser les corrélations linéaires avec le poids et d'autres variables liées ne semble pas très pertinent statistiquement. D'un autre côté l'estimation du rendement par les résidus de la corrélation linéaire entre le poids de la queue et le poids total est plus intéressant statistiquement mais ne permet pas de transformation logarithmique. Dans les 2 cas les résultats des corrélations linéaires avec les autres caractères présentent des écarts aux hypothèses liées au modèle statistique et sont donc complexe à interpréter. De plus les corrélations avec les autres paramètres de croissance sont significativement différentes selon le mode de calcul envisagé. Dans la suite des analyses la variable issue des résidus a été conservée car jugée plus fiable, cette méthode ayant déjà été utilisée dans d'autres publications (Vandeputte et al., 2019) . Les résultats phénotypiques montrent que le rendement n'est soit pas corrélé aux paramètres de croissance soit qu'en général les animaux avec le meilleur rendement sont aussi les plus petits car la corrélation est négative.

Pour la construction du modèle mixte génétique, les différents effets testés sont intéressants pour adapter les méthodes actuelles de sélection et d'élevage. L'importance de l'effet sexe signifie que lors des tris de sélection il est nécessaire de prêter attention au ratio de mâles et de femelles sélectionnés. En effet si un simple tri sur la taille est effectué sans observer le sexe la proportion de femelles sélectionnées sera bien plus importante que celle des mâles du fait de leur croissance moyenne plus avancée. D'autre part, le fait que les effets maternels et de jour de ponte ne soient pas significatifs est un élément positif pour la sélection. L'absence d'effet maternel montre que dans les pontes conservées il n'y a pas des différences de qualités suffisamment importantes qui pourraient entraîner des conséquences sur la

croissance des descendants à long terme. D'autre part, l'absence d'effet du jour de ponte indique que les pratiques d'élevages sont efficaces pour limiter les potentiels retards de croissance des larves nées plus tard puisqu'aucune différence n'est observable à une taille de 20 g. Cela signifie aussi qu'il n'est pas nécessaire que les pontes soient parfaitement synchronisées, des décalages de quelques jours, gérés de la manière actuelle ne semble pas avoir de répercussion sur la croissance à long terme dans cette cohorte. Les conditions d'élevage actuelles sont donc efficaces pour limiter la présence d'effets autres que génétiques.

Les résultats d'héritabilité montrent que les paramètres de croissance (sauf le rendement) sont fortement héréditaires. Cela est cohérent avec les résultats d'études précédentes sur l'espèce présentés précédemment en introduction (Hasan et al, 2020). Cela signifie qu'une sélection génétique sur la croissance est possible. L'objectif de cette sélection n'est pas de commercialiser des animaux plus gros mais d'atteindre la taille de 20 g le plus rapidement possible. Choisir les plus gros à ce stade permet de sélectionner les animaux qui ont atteint le poids moyen de 20 g plus tôt que les autres. Cette sélection, massale, est relativement simple à mettre en place. De plus les fortes corrélations génétiques entre les paramètres de poids, la longueur et d'épaisseur confirment que la méthode actuelle de tri sur la longueur des individus permet de sélectionner par la même occasion les animaux les plus lourds et les plus épais. Cela signifie que sélectionner sur la longueur permet de conserver en général la forme actuelle des individus sans que leurs descendants ne deviennent plus épais ou maigres. De plus ces résultats prouvent que l'on pourrait aussi sélectionner les individus sur le poids en les pesant ou sur l'épaisseur, avec un système de barreaux plus ou moins écartés par exemple, et que les individus sélectionnés au final serait quasiment les mêmes, entraînant une descendance avec une vitesse de croissance élevée. En revanche il serait complexe de sélectionner des individus courts et épais par exemple du fait de la forte corrélation positive entre ces 2 paramètres. Cela n'est pas un problème concrètement car la forme actuelle des individus est appréciée et n'a pas pour objectif d'être modifiée.

Les héritabilités du rendement sont faibles mais existantes. A nouveau cela est cohérent avec les résultats existants de la bibliographie (Hasan et al, 2020). Cependant les corrélations génétiques avec les autres paramètres de croissance ne sont pas favorables pour une sélection sur ce caractère. En effet elles sont soit nulles, ce qui implique qu'une sélection croissance n'a pas d'effet sur le rendement, et donc qu'une sélection directement sur ce caractère est nécessaire pour l'améliorer, soit négatives, dans ce cas cela est encore plus défavorable car cela signifie que sélectionner sur la longueur par exemple entraîne une sélection des animaux avec un mauvais rendement. L'ensemble des erreurs standard des estimations sont élevées, il est donc complexe de déterminer efficacement quels serait la meilleure façon de sélectionner ce caractère. Une sélection génétique sur ce paramètre avec les méthodes de calcul proposées ici semble donc peu intéressante.

3 – Caractères de qualité

3.1 – Texture

La texture est une qualité organoleptique qui est difficile à évaluer avec des méthodes instrumentales.. La technique adoptée ici est la plus courante et consiste à mesurer la résistance mécanique de la chair comme cela se pratique chez les poissons (Bugeon et al, 2003). Cette mesure par pression et mesure des forces appliquées est invasive et laisse un trou dans l'échantillon ce qui ne permet pas d'effectuer la mesure cru et cuite au même endroit. Celui induit un biais si la texture n'est pas homogène le long de l'individu. De plus cette perforation ainsi que les conditions particulières de cuisson lors de l'expérience ont peut-être pu influencer l'évolution de la texture pendant le processus de cuisson, ainsi la texture cuite observée est potentiellement légèrement différente de celle des individus cuits industriellement.

Cependant l'expérience a été réalisée au mieux pour que les résultats restent interprétables. Les différentes variables mesurées et interprétées comme « texture chair/carapace crue/cuite » restent une évaluation instrumentale d'un paramètre complexe.

En cru comme en cuit les corrélations phénotypiques sont très fortes entre la texture de la carapace et la force maximale appliquée. Cela n'est pas vraiment étonnant car pour la plupart des échantillons la « Fmax » correspondait au moment de la rupture de la carapace (cela n'était pas tout le temps valable en cuit mais sans doute suffisamment souvent pour que la corrélation reste forte). Phénotypiquement la texture de la carapace est corrélée à celle de la chair mais de manière modérée. Cela montre que les crevettes avec une carapace plus épaisse ont tendance à avoir une chair plus ferme. Pour les crevettes crues, la force appliquée au moment de la rupture de la chair semble séparée en 2 courbes dans les corrélations avec les autres paramètres. Cela pourrait s'expliquer car sur certaines courbes la rupture semblait se dérouler en 2 phases alors que sur d'autres 1 seule rupture était visible. Ainsi sur les courbes avec une rupture en 2 phases la force appliquée à un instant t ne représentait pas l'ensemble de la force nécessaire pour faire rompre l'intégralité de la chair. Cela s'observe aussi dans la répartition des données de cette variable qui présente 2 maximums. En revanche ce phénomène n'est plus observé sur les animaux après cuisson.

Pour les modèles génétiques l'épaisseur mesurée au pied à coulisse a été ajoutée en covariable. La corrélation entre l'épaisseur mesurée au pied à coulisse et celle obtenue avec l'appareil de mesure de texture était corrélée plutôt fortement mais pas de manière parfaite. Celle mesurée au pied à coulisse a été conservée car jugée plus précise que l'autre. La texture de la carapace est héritable, cela signifie que l'on peut sélectionner génétiquement des individus avec des carapaces épaisses ou fines. Cela s'observe surtout pour les crevettes crues mais moins pour les cuites. Le fait que l'héritabilité diminue après une transformation telle que la cuisson n'est pas étonnant car des paramètres extérieurs viennent influencer la texture de la carapace (Murthy et al, 2016). Il faut cependant préciser que le stade de mue des individus n'est pas connu, il n'a pas été vérifié et pourrait induire un biais dans l'épaisseur et la texture des carapaces si certains individus se trouvaient à un stade de mue plus avancé que d'autres. La texture de la chair semble faiblement héritable aussi. Pour ce paramètre on observe une héritabilité 2 fois supérieures après cuisson passant de $0,16 \pm 0,05$ cru à $0,27 \pm 0,07$ cuite. Ce résultat est étonnant car comme expliqué précédemment ajouter des processus de transformation éloigne normalement des effets génétiques. Une hypothèse pour expliquer ce phénomène est que la texture crue a été mesurée juste après décongélation et que cela aurait influencé la texture de la chair crue. Pour les autres paramètres mesurés les héritabilités sont modérées. Elles sont plus faibles pour la force de rupture de la chair crue mais cela s'explique par les analyses phénotypiques précédentes et la manière d'avoir placé les points sur les courbes. Cette rupture en 2 fois ne s'observant pas aussi clairement sur les courbes des crevettes cuites il ne semble pas illogique que l'héritabilité de la force de rupture de la chair cuite soit plus élevée.

Les corrélations génétiques de chaque paramètre entre ces valeurs crues et cuites sont très fortes ce qui montre que les crevettes avec les carapaces les plus dures sont les mêmes avant et après cuisson, idem pour la fermeté de la chair qui est conservée et les forces de rupture. Le processus de cuisson ne semble pas avoir induit de biais dans l'estimation des paramètres génétiques de la texture, ce qui est un résultat intéressant quoiqu'inattendu (REF de Florence ici)

Il semble donc possible de sélectionner génétiquement la texture. Cependant cela est complexe car les héritabilités sont relativement faibles et ce caractère n'est pas observable sur les animaux vivants. Il serait nécessaire soit de sélectionner sur un caractère corrélé (voir 4) soit de réaliser une analyse de texture sur certains animaux puis de sélectionner pour la reproduction des animaux des familles avec des valeurs intéressantes ce qui ajoute de la variabilité. De plus, il serait judicieux de vérifier les valeurs obtenues ici en réalisant une autre

expérience ou la mesure de texture crue serait prise avant congélation. Il serait aussi intéressant de réaliser une mesure de texture cuite en ayant préalablement décortiquée les crevettes pour obtenir uniquement la résistance mécanique de la chair.

3.2 - Couleur

Les couleurs ont été analysées sur les segments 1 et 3 car cela correspondait aux zones de mesure de texture afin de pouvoir interpréter les corrélations entre ces différentes variables. La mesure de texture crue crée un trou dans la crevette qui ne traverse pas la carapace du côté opposé mais cela a tout de même influencé la couleur de la zone par transparence sur les crevettes cuites. Ainsi les mesures de couleur sur le segment 1 en cuit ne sont pas exploitables et interprétables. Il aurait été plus intéressant au final de réaliser la mesure de couleur sur un autre segment, cela n'a pas été possible par manque de temps. Les corrélations sont très fortes entre les couleurs des segments 1 et 3 en cru, comme montré précédemment sur une autre espèce de crevette (Enez et al, 2018), Les zones choisies pour les mesures de texture ont été prises dans la partie latérale homogène en couleur, les bandes de couleurs présentes sur le dos des individus n'ont pas été prises en compte. Il aurait été intéressant d'analyser aussi l'héritabilité de ces bandes dorsales cependant cela était complexe à réaliser avec des outils quantitatifs.

D'après les résultats, les caractères de couleur présentent une héritabilité modérée à forte, en cru principalement sur l'axe b^* correspondant à l'axe du jaune au bleu et en cuit sur l'axe a^* , du vert au rouge. Les crevettes crues apparaissant grises à l'œil nu et les cuites dans les tons rouges il n'est pas surprenant que ce soit ces axes qui aient la plus grande importance dans chacune des 2 situations. Les corrélations positives entre les couleurs crues et cuites montrent que les individus les plus colorés crus deviennent aussi les plus colorés après cuisson. La légère corrélation phénotypique entre l'axe b^* cru et l'axe a^* cuit montre que les crevettes tendant le plus vers le bleu en cru deviennent en moyenne aussi plus rouges une fois cuites. Cependant cette corrélation reste relativement faible phénotypiquement et est nulle génétiquement. Ainsi en général les plus colorées en cru restent aussi les plus colorées en cuit quel que soit l'axe étudié. De plus ces résultats prouvent qu'il est possible de sélectionner plus ou moins efficacement la couleur après cuisson par rapport à la couleur des individus crus. Il est intéressant de pouvoir sélectionner un caractère après transformation grâce à un autre caractère qui ne nécessite pas de tuer les animaux pour réaliser le tri.

Ces héritabilités et corrélations génétiques montrent qu'il est possible de réaliser une sélection génétique sur des paramètres de couleur cependant cela n'est pas forcément facile à mettre en place en pratique. En effet il est très long de prendre des photos et de les analyser en système $L^*a^*b^*$, donc impossible à échelle industrielle. À l'œil nu les 3 axes de ce système de représentations apparaissent mélangés et les crevettes crues semblent grises, discerner lesquelles tendent plus vers une couleur bleue par exemple n'est pas forcément évident, surtout si les conditions de luminosité environnante sont variables. Cela doit être possible dans une certaine mesure avec de l'expérience mais avec des erreurs potentielles et donc une précision moindre que celle pour les paramètres de croissance par exemple. Il serait possiblement envisageable de développer un trieur automatique basé sur une analyse d'image dans des conditions de prise de vue contrôlées.

4 – Comparaison des paramètres de croissance et de qualité

Les variables de texture sont corrélées positivement aux paramètres de croissance malgré le fait d'avoir placé l'épaisseur en covariable dans les modèles. Cela signifie que en général

les crevettes les plus grosses auront une carapace plus solide (sans doute car plus épaisse) ainsi qu'une chair plus ferme que les petites. Cela est valable en cru comme en cuit. Il est étonnant que les corrélations restent si fortes alors que l'épaisseur, elle-même extrêmement corrélée au poids, est utilisée dans le modèle comme covariable. Il est donc difficile d'estimer quelle est la part réelle de la texture et l'influence d'autres paramètres comme l'épaisseur qui n'ont probablement pas été complètement enlevés.

Les corrélations des paramètres de couleur avec les paramètres de texture et de croissance sont nulles. Cela signifie que les tris actuels sur la longueur des individus ne vont pas entraîner une sélection et donc à long terme une évolution de la couleur des individus crus et cuits. L'entreprise étant actuellement satisfaite de la couleur de leurs produits ce résultat est positif pour la sélection. En revanche cela signifie que si une sélection sur la couleur est souhaitée il sera plus complexe de sélectionner les paramètres de croissance en même temps.

La sélection sur les paramètres de croissance est donc simple à mettre en œuvre et un tri sur la longueur aura des impacts sur la texture des descendants mais pas sur leur couleur. En revanche un plan de sélection visant à modifier dans un sens précis la texture ou la couleur est beaucoup plus complexe à mettre en place surtout si cela a pour objectif d'être réalisé conjointement avec une amélioration des paramètres de croissance.

V - Conclusion et perspectives

L'objectif de ce stage était d'estimer les héritabilités ainsi que les corrélations phénotypiques et génétiques sur des paramètres de croissance (poids, longueur, épaisseur, rendement) et de qualité (texture et couleur) d'une population de crevette tigrée de Madagascar à partir d'un échantillon de 1000 individus d'une cohorte élevée en familles mélangées.

Les résultats ont montré tout d'abord que le panel d'assignation développé sur cette population a bien permis de reconstituer de manière fiable le pédigrée d'un nombre important de descendants malgré une forte proportion de données manquantes et un nombre de SNP efficaces limités.

Les estimations d'héritabilité se sont avérées très fortes pour tous les caractères de croissance, et les corrélations génétiques entre eux proche de l'unité, indiquant qu'un programme de sélection sur la croissance peut être efficace. Le rendement cependant était faiblement héritable et peu corrélé avec la croissance. La texture semble modérément héritable et corrélée aux paramètres de croissance, indiquant donc qu'une sélection sur la croissance entraîne une sélection des animaux avec une chair plus ferme. La couleur est héritable mais non corrélée aux autres paramètres étudiés ainsi une sélection sur la croissance n'impactera pas la couleur des crevettes crues et cuites, en revanche une sélection sur ce paramètre est possible si une évolution vers une autre nuance de couleur est souhaitée.

Afin d'approfondir ces résultats il serait intéressant d'étudier la morphologie des crevettes crues à partir des photos, cela avait été envisagé mais n'a pas été réalisé par manque de temps. Ces données supplémentaires pourraient peut-être permettre d'estimer le rendement en queue de manière plus précise et fiable que les méthodes testées précédemment. Une autre piste d'amélioration des résultats serait de réaliser de nouvelles mesures de textures et des photos des animaux crus avant la congélation. La mesure de texture de la chair cuite pourrait aussi être réalisée sur des crevettes décortiquées. Cela permettrait de mieux dissocier la texture de la chair de celle de la carapace.

Globalement les résultats de cette étude sont extrêmement encourageants pour l'entreprise OSO farming car ils permettent de confirmer l'efficacité de leur technique de reproduction et de leur plan de sélection sur la croissance. L'étude de la texture et la couleur fournit des informations importantes sur les interactions entre les différents paramètres et ouvre des possibilités de sélection future.

Bibliographie :

Agudo J.E., Pardo P.J., Sánchez H., Pérez Á.L., Suero M.I. (2014). *A Low-Cost Real Color Picker Based on Arduino. Sensors 2014*, 14, 11943-11956

Bugeon J., Lefevre F., Fauconneau B. (2003). *Fillet texture and muscle structure in brown trout (Salmo trutta) subjected to long-term exercise, Aquac. Res.*, 34, pp. 1287-1295

Caverivière A., Chaboud C. et Rafalimanana T. (2008). *Les crevettes côtières de Madagascar, Présentation du milieu et des espèces*, IRD Editions

D'Ambrosio J., Morvezen R., Brard-Fudulea S., Bestin A., Acin Perez A., Guéméné D., ... & Phocas F. (2020). *Genetic architecture and genomic selection of female reproduction traits in rainbow trout, BMC genomics*, 21(1), 1-14.

Dupont-Nivet, M., Vandeputte, M., & Chevassus, B. (2002). Optimization of factorial mating designs for inference on heritability in fish species. *Aquaculture*, 204(3-4), 361-370.

Enez F, Lorgeoux B, Mahunon H, Bugeon J, Vandeputte M, et al. (2018). *Genetic parameters for growth and colour traits in Pacific blue shrimp Litopenaeus stylirostris in a mixed family design with SNP parentage assignment in New-Caledonia*. 11. *World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Auckland, New Zealand*.

Falconer D. S., Mackay T. F. C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics, Prentice-Hall, ed. 4*

FAO (2009). *Penaeus monodon, In Cultured aquatic species fact sheets. Text by Kongkeo, H. Edited and compiled by Valerio Crespi and Michael New*

FAO (2020). *La situation mondiale des pêches et de l'aquaculture 2020, La durabilité en action, Rome*

Fischer W., Bianchi G. (1984). *FAO Species Identification Sheets for Fishery Purposes: Western Indian Ocean (Fishing Area 51), Vols. 1-6, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome*

Gopal C., Gopikrishna G., Krishna G., Jahageerdar S.S., Rye M., Hayes B.J., Paulpandi S., Kiran R.P., Pillai S.M., Ravichandran P., Ponniah A.G., Kumar D. (2010). *Weight and time of onset of female-superior sexual dimorphism in pond reared Penaeus monodon, Aquaculture*, 300 (1-4), pp. 237-239

Griot R., Allal F., Brard-Fudulea S., Morvezen R., Haffray P., Phocas F., et al (2020). *APIS: an auto-adaptive parentage inference software that tolerates missing parents. Mol Ecol Resour*;20:579-90.

Griot R., Allal F., Phocas F., Brard-Fudulea S., Morvezen R., Haffray P., ... & Vandeputte, M. (2021). *Optimization of genomic selection to improve disease resistance in two marine fishes, the european Sea bass (Dicentrarchus labrax) and the Gilthead sea bream (Sparus aurata), Frontiers in Genetics*, 12, 665920.

Hasan M., Tulloch R., Thomson P. C., Raadsma H. W., Khatkar M. S. (2020). *Meta-analysis of genetic parameters of production traits in cultured shrimp species, Fish and fisheries 2020*

Hayes B.J., Gitterle T., Gopikrishna G., Gopal C., Krishna G., Jahageerdar S., Lozano C., Alavandi S., Paulpandi S., Ravichandran P. et al. (2010). *Limited evidence for genetic*

variation for resistance to the white spot syndrome virus in Indian populations of *Penaeus monodon*. *Aquac Res.* 41(11):e872–e877. Crossref. ISI.

Jones O.R. and Wang J. (2010). COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources*, 10: 551–555

Kenway M., Macbeth M., Salmon M., McPhee C., Benzie J., Wilson K., Knibb W. (2006).

Heritability and genetic correlations of growth and survival in black tiger prawn Penaeus monodon reared in tanks, Aquaculture, 259, pp. 138-145

Krishna G., Gopikrishna G., Gopal C., Jahageerdar S., Ravichandran P., Kannappan S., Pillai S.M., Paulpandi S., Kiran R.P., Saraswati R. (2011). *Genetic parameters for growth and survival in Penaeus monodon cultured in India, Aquaculture., 318, pp. 74-78*

Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D.H. (2002) *BLUPF90 and related programs (BGF90). In: 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, 19–23.*

Murthy L.N., Jesmi D., Madhusudana Rao B., Phadke G.G., Prasad M.M. and Ravishankar C.N. (2016). *Effect of different processing methods on the texture of Black tiger (Penaeus monodon) and Pacific white shrimp (Litopenaeus vannamei), Fish. Technol., 53(3): 205-210.*

Noble T.H., Coman G.J., Wade N.M., Thomson P.C., Raadsma H.W., Khatkar M.S., ... & Jerry D.R. (2020). *Genetic parameters of gill-associated virus infection and body weight under commercial conditions in black tiger shrimp, Penaeus monodon, Aquaculture., 528*

Prchal M., D'Ambrosio J., Lagarde H., Lallias D., Patrice P., François Y., ... & Phocas F. (2023). *Genome-Wide Association study and genomic prediction of tolerance to acute hypoxia in Rainbow trout, Aquaculture, 565, 739068.*

Primavera J. H. (1978). *Induced maturation and spawning in five-month-old Penaeus monodon Fabricius by eyestalk ablation, Aquaculture, 13(4), 355-359.*

Ranivoarivelo L. (2006). *Essai d'élevage lagunaire de crevettes Pénéides « Penaeus monodon » dans la région d'Anosy. Exemple de la lagune d'Ambinanibe (Fort dauphin), Université de Toliara*

Sellars M.J., Dierens L., McWilliam S., Little B., Murphy B., Coman G.J., Barendse W., Henshall J. (2014). *Comparison of microsatellite and SNP DNA markers for pedigree assignment in Black Tiger shrimp, Penaeus monodon. Aquac. Res., 45, 417–426.*

Trang T.T., Hung N.H., Ninh N.H., Nguyen N.H. (2019). *Selection for improved white spot syndrome virus resistance increased larval survival and growth rate of Pacific Whiteleg shrimp, Litopenaeus Vannamei, J. Invertebr. Pathol., 166, Article 107219*

Tume R.K., Sikes A.L., Tabrett S., Smith D.M. 2009). *Effect of background colour on the distribution of astaxanthin in black tiger prawn (Penaeus monodon): effective method for improvement of cooked colour, Aquaculture, 296 , pp. 129-135*

Vandeputte M., Baroiller J., Haffray P., Quillet E. (2009). *Amélioration génétique des poissons : quelles réalisations et quels défis pour demain ?, Cahiers Agricultures, 18 (2-3) : 262-269.*

Vandeputte M., Bugeon J., Bestin A., Desgranges A., Allamellou J. M., Tyran A. S., ... & Haffray P. (2019). *First evidence of realized selection response on fillet yield in rainbow trout*

Oncorhynchus mykiss, using sib selection or based on correlated ultrasound measurements. *Frontiers in genetics*, 10, 1225.

Wade N.M., Anderson M., Sellars M.J., Tume R.K., Preston N.P., Glencross B.D. (2012). *Mechanisms of colour adaptation in the prawn Penaeus monodon*, *Journal of Experimental Biology* 215: 343–350

Yéléhi D.A. (2021). Reconstruction du muscle et évolution de la qualité de la chair chez la truite après ovulation. *Biologie animale*. Agrocampus Ouest

Sitographie :

Chamberlain G. (2011). *History of shrimp farming summarized from The shrimp book*, *Global Seafood Alliance*, <https://www.globalseafood.org/advocate/history-of-shrimp-farming/> (consulté le 15/08/2023)

Liste des figures :

Figure 1 : représentation schématique du cycle de vie de *Penaeus monodon* (Calerivière et al, 2008)

Figure 2 : schéma générale du cycle d'élevage de *Penaeus monodon* (FAO, 2009)

Figure 3 : Photo de la crevette crue numéro 1

Figure 4 : crevette crue positionnée sous le texturomètre

Figure 5: Courbe de texture crue (au-dessus) et cuite (en dessous) après la macro avec les différents paramètres étudiés

Figure 6 : représentation du modèle de couleur $L^*a^*b^*$ (Agudo et al, 2014)

Figure 7 : Histogramme du nombre de « mismatches » pour le 1^{er} couple de parents le plus probable (rose) et le second (bleu) pour l'ensemble des descendants

Figure 8 : plan de croisement théorique (cadres noirs) et observé (remplissage coloré selon le nombre) des 789 individus assignés, la mère reconstituée est surlignée en jaune

Figure 9 : Nombre de descendants assignés par parent

Figure 10 : Corrélations linéaires phénotypiques colorées par sexe (femelles en bleu et males en rouge) entre les poids avant et après cuisson, la longueur et l'épaisseur des segments 1 et 3 des individus avec la répartition des données

Figure 11 : Boxplots des données de log du poids cuit, de log de la longueur et d'épaisseur du segment 1 cru selon le sexe

Figure 12 : Corrélations linéaires phénotypiques colorées par sexe (femelles en bleu et males en rouge) entre le poids après cuisson, la longueur, l'épaisseur du segment 1 cru et le rendement calculé ou issus des résidus du poids total cuit selon le poids de la queue

Figure 13 : Corrélations linéaires phénotypiques entre les paramètres de texture crue colorées selon le sexe (femelles en bleu et males en rouge)

Figure 14 : Corrélations linéaires phénotypiques entre les paramètres de texture cuite colorées selon le sexe (femelles en bleu et males en rouge)

Figure 15 : Corrélations linéaires phénotypiques entre les paramètres de couleur crue et cuite sur la zone 2 colorées selon le sexe (femelles en bleu et males en rouge)

Liste des tableaux :

Tableau 1: Evolution du nombre et des proportions restantes d'individus, de SNP et de la proportion de données présentes après chacun des différents contrôles qualité

Tableau 2 : Matrice des héritabilités (sur la diagonale) et corrélations génétiques deux à deux pour les paramètres de croissance

Tableau 3 : Matrice des héritabilités et corrélations génétiques des paramètres de texture

Tableau 4 : Matrice des héritabilités et corrélations génétiques des paramètres de couleur

Tableau 5 : Matrice des héritabilités et corrélations génétiques de paramètres de croissance, de texture et de couleur

	Diplôme : Ingénieur Spécialité : Agromomie Spécialisation / option : Science halieutiques et aquacoles (aqua) Enseignant référent : Bastien Sadoul
Auteur(s) : Nolwenn Guillerm Date de naissance* : 04/08/2000	Organisme d'accueil : SYSAAF Adresse : INRAE Laboratoire de Physiologie et Génomique des Poissons (LPGP). Bâtiment 16A, Allée Henri Fabre, Campus de Beaulieu, 35042 Rennes Cedex.
Nb pages : 31 Annexe(s) :	
Année de soutenance : 2023	Maître de stage : Romain Morvezen
Titre français : Estimations des héritabilités et corrélations phénotypiques et génétiques pour des caractères de croissance et de qualité chez <i>Penaeus Monodon</i>	
Titre anglais : Estimations of heritabilities and phenotypic and genetic correlations for growth and quality traits in <i>Penaeus Monodon</i>	
Résumé (1600 caractères maximum) : <i>Penaeus monodon</i> est la 2eme espèce de crevette la plus produite dans le monde. Pour atteindre des niveaux de productivité et de qualité élevés de façon rentable les entreprises améliorent et optimisent constamment leurs processus d'élevage notamment par la sélection génétique. L'entreprise OSO farming produisant des gambas bio à Madagascar collabore avec le SYSAAF sur ce domaine. Le but de ce stage était d'estimer les héritabilités ainsi que les corrélations phénotypiques et génétiques sur des paramètres de croissance (poids, longueur, épaisseur, rendement) et de qualité (texture et couleur) d'une population de crevette tigrée de Madagascar à partir d'un échantillon de 1000 individus d'une cohorte élevée en familles mélangées. Cette étude a montré que l'outil d'assignation de parenté utilisé était performant mais améliorable. De plus, les estimations d'héritabilité se sont avérées très fortes pour tous les caractères de croissance (poids $h^2=0,50\pm 0,09$ et longueur $h^2=0,53\pm 0,09$) excepté le rendement en queue ($h^2=0,14\pm 0,05$), et les corrélations génétiques entre eux proche de 1, ce qui est favorable au développement d'un programme de sélection sur la croissance efficace. La texture semble modérément héritable (texture chair cuite : $h^2=0,28\pm 0,07$) et corrélée aux paramètres de croissance, indiquant qu'une sélection sur la croissance entraîne une sélection des animaux avec une chair plus ferme La couleur apparait héritable ($h^2=0,38\pm 0,08$ axe bleu-jaune cru) mais non corrélée à la croissance. La poursuite d'un programme de sélection génétique sur cette population semble favorable.	
Abstract (1600 caractères maximum) : <i>Penaeus monodon</i> stands as the second most produced shrimp species globally. To achieve high levels of productivity and quality in a cost-effective manner, companies consistently enhance and optimize their breeding processes, primarily through genetic selection. OSO Farming, an enterprise dedicated to organic prawn production in Madagascar, collaborates with SYSAAF in this domain. The objective of this internship was to estimate heritabilities, as well as phenotypic and genetic correlations, concerning growth parameters (weight, length, thickness, yield) and quality attributes (texture and color) within a population of Madagascar tiger shrimp using a sample of 1000 individuals from a cohort reared in mixed families. The study revealed that the utilized parentage assignment tool exhibited strong performance but could be refined. Furthermore, heritability estimates proved to be substantial for all growth characteristics (weight $h^2=0.50\pm 0.09$ and length $h^2=0.53\pm 0.09$), with the exception of tail yield ($h^2=0.14\pm 0.05$). The genetic correlations among these traits were close to 1, favorably positioning the development of an effective growth-focused selection program. Texture displayed moderate heritability (cooked flesh texture: $h^2=0.28\pm 0.07$) and was correlated with growth parameters, suggesting that selecting for growth also leads to the choice of animals with firmer flesh. Color demonstrated heritability ($h^2=0.38\pm 0.08$ for the blue-yellow axis in raw state) but exhibited no correlation with growth. Continuing a genetic selection program within this population appears promising.	
Mots-clés : <i>Penaeus monodon</i> , sélection génétique, héritabilité, croissance, texture, couleur	
Key Words: <i>Penaeus monodon</i> , genetic selection, heritability, growth, texture, colour	

* Élément qui permet d'enregistrer les notices auteurs dans le catalogue des bibliothèques universitaires