



Les Jeudis de l'UMR

JEUDI 13 AVRIL 2023 / 11h30 **Emilie DELPUECH**, Post-doctorante INRAE MARBEC

## Des études d'association pangénomique (GWAS) pour analyser des phénotypes de résistance aux maladies chez le bar (*European seabass*)

Le développement durable de l'aquaculture dépend fortement de la capacité à contrôler les épidémies qui peuvent affecter les fermes aquacoles. La nodaviriose (virose) ou Viral Nervous Necrosis (VNN, en anglais) constitue une menace majeure pour l'industrie de la pisciculture marine et d'eau douce dans le monde entier. D'autre part, la vibriose (bactériose) est un autre pathogène pouvant affecter de manière sévère les fermes aquacoles positionnés en pleine mer dans des cages. Ces maladies sont responsables d'une augmentation de la mortalité et de ce fait d'une réduction du bien-être des animaux, ce qui affecte à la fois la production et la viabilité économique des élevages. Le bar européen est l'une des nombreuses espèces touchées par ces maladies avec des taux de mortalité de 90 % ou plus chez les juvéniles.

Afin de lutter contre ces maladies, plusieurs études de vaccination ont été menées, avec des résultats récents très positifs sur des poissons adultes. En effet, ces vaccins ne peuvent pas encore être appliqués aux larves ou aux jeunes juvéniles. Ainsi, l'amélioration génétique est une autre approche potentielle pour améliorer la résistance aux maladies en aquaculture. Des études récentes ont montré que le bar présente une héritabilité modérée comprise entre 0,15 à 0,43 pour ces maladies. Après avoir validé la possibilité de sélectionner ces poissons pour une meilleure résistance, la cartographie fine de l'architecture génétique de ce phénotype est une étape clé pour mieux comprendre le rôle de régions génomiques spécifiquement retrouvés chez les bars résistants. À cet égard, les études d'association à l'échelle du génome (GWAS) sont devenues un outil puissant et sont couramment appliquées à la sélection animale. Pour aller plus loin, cela permettrait également, le développement d'une sélection assistée par marqueurs.

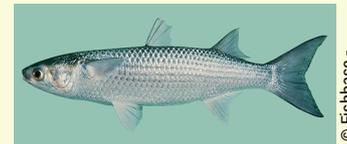
Au cours du projet GeneSea, nous avons eu la possibilité de réaliser du séquençage complet de 400 génomes de bars provenant principalement de deux écloséries marines françaises et pour lesquels, des descendants avaient été challengés pour leur résistance à la nodaviriose et à la vibriose. Avec ces données génétiques à haut-débit et les données phénotypiques de résistances obtenues dans les projets GeneSea et MedMax, des études d'association pangénomique (GWAS) ont été réalisées pour identifier des régions génomiques fortement associées à la résistance à ces deux maladies. Les méthodes et les résultats de ces approches vous seront présentés, ainsi que les prochaines études en cours à partir de ces résultats.

### > accès zoom

<https://umontpellier-fr.zoom.us/j/96426860643>

ID de réunion : 964 2686 0643

### > prochainement



© Fishbase - Mugil cephalus

**Jeudi 20 avril 2023 : Mohamad Hassan (Chercheur Ifremer, MARBEC)**  
**"Impact of ecto and blood-sucking parasites infection on the chemical composition of muscles in wild Mugil cephalus and Scomber scombrus"**

### @ contacts

sarah.nahon@inrae.fr  
 frederic.bertucci@ird.fr  
 johann.mourier@umontpellier.fr  
 paul.tixier@ird.fr  
 laura.mannocci@ird.fr  
 leila.ezzat@cnrs.fr  
 theo.navarro@ifremer.fr  
 damien.crestel@inrae.fr

### + programme & archives

Programme des Jeudis et archives des 8 dernières présentations disponibles sur :  
<https://umr-marbec.fr/category/seminaires-marbec/>

UMR MARBEC (IRD, Ifremer, Université de Montpellier, CNRS, INRAE)  
 Tél. 04 67 14 36 72 / 04 67 13 04 24  
[www.umr-marbec.fr](http://www.umr-marbec.fr)