

## RESISTANCE A LA NODAVIROSE DES POPULATIONS SAUVAGES DE BAR

Allal François<sup>1</sup>, Doan Quoc Khanh<sup>1</sup>, Vergnet Alain<sup>2</sup>, Chatain Béatrice<sup>1</sup>, Breuil Gilles<sup>2</sup>  
Vandeputte Marc<sup>2,3</sup>

<sup>1</sup> Ifremer UMR9190 MARBEC, Chemin de Maguelone, F-34250 Palavas-les-Flots, France

<sup>2</sup> Ifremer, Chemin de Maguelone, F-34250 Palavas-les-Flots, France

<sup>3</sup> INRA, GABI, AgroParisTech, Université Paris-Saclay, F-78350 Jouy-en-Josas, France

Correspondance : François Allal ([francois.allal@ifremer.fr](mailto:francois.allal@ifremer.fr)) Tel : 33(4) 67 13 04 04

**Mots clés :** génétique, nodavirus, bar, populations sauvages

**Contexte et objectifs.** Le bar, *Dicentrarchus labrax*, est une espèce majeure de l'aquaculture Méditerranéenne. Cet élevage subit cependant des mortalités importantes dues à la nodavirus, contraignant fortement son développement à l'est et au sud de la Méditerranée. Cette pathologie est identifiée depuis déjà 25 ans, mais aucun moyen satisfaisant de prévention ou de traitement n'existe pour contenir ces épisodes infectieux. Développer des populations résistantes à la maladie par sélection apparaît donc comme un moyen de pallier à ce problème. Dans une première étape, nous évaluons ici l'héritabilité et la variabilité de la résistance de populations sauvages de bar à la nodavirus.

**Méthodes.** Un croisement factoriel de 60♂ (15 atlantiques AT, 15 ouest-méditerranéens OM, 15 nord-est-méditerranéens NEM, 15 sud-est-méditerranéens SEM) par 9♀ OM a permis de produire 1991 poissons marqués individuellement à J184. Les parents et les descendants ont été génotypés avec un jeu de 12 microsatellites pour reconstruire le pedigree. Des challenges expérimentaux ont été effectués à J207 sur 1472 poissons infectés par injection intrapéritonéale de  $2 \times 10^6$  virus/poissons (souche W80). Les mortalités ont été suivies durant 24 jours. Les 519 poissons non challengés ont été conservés vivants, sans contact avec le virus afin d'évaluer les corrélations génétiques de la résistance avec les caractères de production.

**Résultats.** Au total, 1907 poissons (94.6%) ont pu être assignés à un couple de parents, dont 1405 poissons challengés (95.5%). Au 24ème jour suivant l'inoculation, la morbidité totale cumulée était de 26.5 %, avec un écart-type entre les 3 répétitions de 1.6. La survie est très différente en fonction des origines des pères : 52% de survie chez les AT ; 62% chez les OM ; 83% chez les NEM ; et 90% chez les SEM. L'estimation des survies en souches pures (sous l'hypothèse d'un modèle additif) montre des différences encore plus marquées : 42% en souche pure AT ; 62% en OM ; 94% en NEM ; et 99% en SEM. Nous observons également une grande variabilité intrasouche (entre les demi-familles de pères) de la survie. L'héritabilité de résistance à la nodavirus est estimée à  $0.27 \pm 0.02$ , avec des corrélations génétiques négatives avec le poids au challenge ( $r_A = -0.30 \pm 0.14$ ).

**Discussion et perspectives.** Nous observons une forte différenciation entre populations sauvages de bar pour la résistance au nodavirus, les populations AT étant les plus sensibles et les populations de l'Est de la Méditerranée étant les plus résistantes. On note également une forte variabilité intrasouche et une héritabilité modérée mais significative permettant d'envisager une amélioration efficace par sélection intrasouche. La recherche de marqueurs génétique est en cours, pour accélérer le potentiel de sélection et permettre si besoin une introgression rapide de gènes de résistance dans des populations déjà sélectionnées pour d'autres caractères.

Ce travail a été financé par le projet FUI RE-SIST