



Université de Liège, Faculté des Sciences

Département de Biologie, Écologie et Évolution

UR FOCUS, Freshwater and Oceanic Science Unit of Research

Unité de Gestion des Ressources Aquatiques et Aquaculture

FISH4ACP

Projet GCP/GLO/028/EC

Développement durable des chaînes de valeur de la Pêche et de l'Aquaculture dans les pays ACP

Appui à la sélection génétique au Centre National de Recherche
Agronomique (CNRA)

Rapport 3

Evaluation du programme génétique du CNRA et axes
d'amélioration

Novembre 2023

Dr. Carole Rougeot et Dr. Vincent Gennotte



Carole Rougeot

Unité de Gestion des Ressources Aquatiques et Aquaculture

Université de Liège

UR FOCUS

10, rue de la justice,

4500 Tihange Belgique

Email : C.Rougeot@uliege.be

web : <https://www.ugeraa.uliege.be>

En partenariat avec :



Vincent Gennotte

asbl CERER-Pisciculture

10, rue de la justice,

4500 Tihange Belgique

Email : vincent.gennotte@cerer-pisciculture.be

web : <https://cerer-pisciculture.be>

Table des matières

1. Etat des lieux des ressources génétiques et du programme de gestion des souches de tilapia au CNRA – choix des souches.....	3
2. Développement d'un programme d'amélioration génétique.....	4
2.1. Stratégie de développement d'une souche améliorée et d'un programme de sélection génétique	4
2.2. Objectif et méthode de sélection.....	5
2.3. Constitution de la souche synthétique	7
2.4. Production et sélection des générations suivantes.....	11
2.5. Caractérisation des performances zootechniques et mesure de la réponse génétique ..	13
3. Conservation et gestion des souches	14
3.1. Conservation des souches.....	14
3.2. Caractérisation génétique des souches	14
3.3. Back-up des géniteurs	15
4. Proposition de développement des infrastructures – besoins techniques	15
5. Proposition de renforcement des capacités	16
6. Approche stratégique pour la mise en place du programme	17
6.1. Import de souches et quarantaine.....	17
6.2. Diffusion vers les producteurs	18
6.3. Prérequis à la mise en place du programme.....	18
6.4. Pérennisation et amélioration du programme	20
7. Lecture recommandée.....	20
8. Références bibliographiques.....	21

Liste des abréviations

AKS	Souche tilapia Akosombo
BKE	Souche tilapia Bouaké
BRI	Souche tilapia Brésil
CNRA	Centre National de Recherche Agronomique
GIFT	Genetically Improved Farmed Tilapia
NIG	Souche tilapia Niger
OIE	Office International des Epizooties (Organisation Mondiale de la Santé Animale)
PCR	Polymerase Chain Reaction
PDC2V	Projet de Développement des Chaines de Valeur Vivrières
PSTACI	Programme Stratégique de Transformation de l'Aquaculture en Côte d'Ivoire
Q-PCR	Quantitative Polymerase Chain Reaction
SRPAC	Station de Recherche sur la Pêche et l'Aquaculture Continentales
TiLV	Tilapia Lake Virus
TIVO	Projet de développement durable des ressources génétiques du tilapia du Nil dans le bassin de la Volta
VOL	Souche tilapia Volta
WFC	World Fish Center

1. Etat des lieux des ressources génétiques et du programme de gestion des souches de tilapia au CNRA – choix des souches

La Station de Recherche sur la Pêche et l'Aquaculture Continentales (SRPAC) du CNRA, située à Bouaké, joue un rôle central dans la conservation et dissémination des ressources génétiques de tilapia (*Oreochromis niloticus*) en Côte d'Ivoire. Elle sera donc un acteur essentiel du développement de la chaîne de valeur de l'aquaculture du tilapia soutenue par FISH4ACP.

Actuellement, trois souches de tilapia sont conservées à la SRPAC comme ressources génétiques et utilisées pour la dissémination d'alevins et de géniteurs : la souche Bouaké (BKE), la souche Brésil (BRI) et la souche Akosombo (AKS).

Les souches BKE et BRI sont utilisées pour la production d'alevins et de géniteurs à destination des éclosiers et autres producteurs locaux. La souche AKS est actuellement conservée uniquement comme ressource génétique pour le programme d'amélioration mais n'est pas diffusée au dehors de la Station.

Les performances de croissance de la souche BKE sont satisfaisantes mais inférieures à celles de la souche BRI (Goro, 2018 ; Zeabiue et al., 2022). La stratégie actuelle du CNRA est de conserver la souche BKE pure, considérée comme une souche locale patrimoniale, sur le long terme en plus de la (des) souche(s) améliorée(s). La souche BRI, qui est une souche issue de la souche Bouaké améliorée au Brésil sur 39 générations pendant 43 ans, serait conservée à moyen terme en attendant les premiers résultats du programme d'amélioration afin de fournir la filière de production avec des tilapias plus performants. La souche AKS est une souche synthétique améliorée initialement issue de souches provenant de la sous-région (Ghana) (Trinh et al., 2021).

Il existe donc une logique dans le choix de ces souches en tant que ressources génétiques pour un programme d'amélioration, étant donné leurs performances et leur origine régionale plus ou moins récente (cf. Rapport 1). Il est en effet souhaitable de baser le développement d'une nouvelle souche sur des ressources locales, autant que possible, plutôt que d'importer des souches améliorées d'autres régions du monde, sélectionnées dans des environnements parfois différents, et conduisant finalement à une certaine uniformisation des ressources génétiques mondiales, avec le risque de dispersion de profils génétiques allochtones en milieu naturel.

Cependant, plusieurs incertitudes existent quant à la diversité et la qualité génétique des souches maintenues à la SRPAC (cf. Rapport 2, p17). Si la souche BKE, constituée et conservée depuis le début des années 1970 à Bouaké, a fait l'objet d'études génétiques dans les années 1990 (Rognon & Guyomard, 1996 ; Rognon et al., 1996) révélant un polymorphisme élevé, de nombreux poissons ont été perdus durant la crise de 2011, et le stock reconstitué après cette période avec les poissons restants était basé sur un effectif restreint et inconnu. Cet événement pourrait avoir créé un goulot d'étranglement, réduisant drastiquement la diversité génétique de cette souche.

Par ailleurs, aucune donnée n'existe sur la diversité génétique (nombre de familles) initiale des 1200-1300 alevins constitutifs de la G₀ des souches BRI et AKS. Ces souches ont également un historique d'élevage et de sélection, en particulier la souche BRI, dont le stock fondateur était issu de la G39 du programme brésilien, ce qui représente un risque de consanguinité et d'introgession. Ce risque est aussi présent sur la souche BKE puisque d'autres espèces de tilapia, telle *O. urolepsis hornorum* (également exportées vers le Brésil), ont été élevées à la SRPAC et ont fait l'objet de recherches sur l'hybridation avec *O. niloticus* (Nugent, 1988).

Enfin, le renouvellement des géniteurs et la production de nouvelles générations pour chaque souche à la SRPAC, sont réalisés en plaçant l'ensemble des géniteurs de la génération dont on souhaite avoir

une descendance en étang, et en récoltant les alevins issus des reproductions naturelles. Cette méthode ne permet pas de contrôler la diversité (en termes de nombre) des géniteurs contribuant à la génération suivante et peut également induire une augmentation de la consanguinité. Depuis le suivi des souches et ce mode de gestion mis en place à partir de 2011, la souche BRI est actuellement à la G₂ et les souches BKE et AKS à la G₃. Une nouvelle méthode de production de géniteurs devra être mise en place dans le futur pour garantir le maintien de la diversité génétique au sein des souches conservées au CNRA (voir §2.3.2).

Par conséquent, deux mesures sont à prendre rapidement comme préalable au démarrage du programme d'amélioration. D'une part, la réalisation d'une étude génétique permettant de vérifier la diversité génétique de chaque souche et l'absence d'introgession par d'autres espèces ; d'autre part, il est souhaitable de diversifier les ressources génétiques de départ par l'acquisition de nouvelles souches.

Cette démarche est actuellement en cours puisque le CNRA a prévu la collecte de deux souches sauvages provenant respectivement du bassin du Niger (Bagoué) et du bassin de la Volta (Bouna).

2. Développement d'un programme d'amélioration génétique

2.1. Stratégie de développement d'une souche améliorée et d'un programme de sélection génétique

Le programme d'amélioration génétique proposé, visant la création d'une nouvelle souche Ivoirienne améliorée, est basé sur la procédure GIFT (WFC, 2004) et le schéma d'amélioration développé à la SRPAC par Madame Olga Assémien Diarrassouba, directrice de la station et responsable du programme génétique.

La technologie GIFT, développée par le WorldFish Center (WFC) depuis 1988, a fait ses preuves dans la gestion des ressources génétiques et l'amélioration de la croissance du tilapia, avec une réponse à la sélection comprise entre 10 et 20 % par génération (Gjedrem & Baranski, 2009) en termes de poids corporel. Cette procédure a été appliquée dans différents programmes d'amélioration de souches de tilapia du Nil, mis en œuvre en Afrique, notamment en Egypte, au Kenya et au Ghana (FAO,2023). Par ailleurs, Madame Assémien Diarrassouba a participé à ces travaux d'amélioration de la souche AKS au Ghana, dans le cadre du projet TIVO et a également basé un schéma d'amélioration génétique à Bouaké sur le même protocole. C'est cette proposition de programme d'amélioration qui est développée dans ce rapport.

L'efficacité de la méthode, la disponibilité des ressources génétiques et l'expertise déjà présentes à la SRPAC renforcent l'orientation stratégique choisie pour ce programme.

Il est important de baser le programme de sélection sur une variabilité initiale phénotypique suffisante, supportée par un large pool génétique de départ, incluant dans ce cas 5 souches, dont 2 sauvages. Idéalement, un tel programme comprendrait une phase préliminaire de test des performances zootechniques de chaque souche. Dans ce cas, le programme doit être mis rapidement en place pour pouvoir proposer les premiers alevins de la souche améliorée dans les meilleurs délais (environ 2 ans).

En attendant ces premiers résultats, le CNRA doit pouvoir conserver et renforcer son rôle central, à la fois de conservatoire des souches, et de dissémination d'alevins et géniteurs pour les producteurs. Cette dissémination peut continuer à se faire à partir des souches BKE et BRI, qui donnent des résultats

satisfaisants.

Récemment, la souche GIFT a été importée de Thaïlande dans le cadre du programme PSTACI. Cette souche est maintenue en quarantaine à la SRPAC. Après avoir exécuté les vérifications sanitaires nécessaires, il est recommandé de confier cette souche aux écloseries publiques qui peuvent également répondre aux besoins immédiats de production d'alevins, après évaluation des performances de croissance dans les environnements de production locaux.

Les capacités matérielles et humaines de la SRPAC étant limitées, il est préférable de les mobiliser sur le programme d'amélioration et non sur le maintien et la gestion de souches supplémentaires qui ne feront pas partie du programme d'amélioration.

Comme le temps et les moyens limités ne permettent pas de vérifier la qualité génétique et les performances de l'ensemble des souches utilisées, l'approche utilisée pour la création du pool génétique de départ est d'utiliser au maximum les ressources génétiques locales de l'Afrique de l'Ouest, indistinctement et sans a priori sur l'origine sauvage ou domestique des lignées. Une analyse génétique permettant de caractériser la qualité et la diversité des souches choisies devra être menée en parallèle des 1^{er} étapes du programme (constitution de la souche synthétique fondatrice) afin de ne pas perdre de temps dans le démarrage du projet.

Le développement de la population de base de la souche GIFT fin des années 80 s'est basé sur le croisement de 8 souches, 4 sauvages africaines et 4 domestiques provenant de fermes d'élevage asiatiques. L'évaluation de ces souches a montré que 2 des souches sauvages africaines montraient des performances de croissance supérieures aux souches domestiques (Eknath et al., 2023). Le gain génétique observé sur la souche GIFT au cours des 5 premières générations sélectionnées pour leurs performances de croissance était de 12-17 %, avec un gain cumulé de 85 % par rapport à la population de base (Eknath & Hulata, 2009).

La même procédure de sélection a été appliquée à la souche AKS dans le programme TIVO. La population de base de cette souche était initialement (en 2001) composée de 3 souches sauvages provenant de différentes régions du Ghana et d'une souche d'élevage. La réponse à la sélection (basée sur le poids corporel) était estimée à 4-5 % de gain sur les premières générations produites, avec une augmentation globale de la croissance évaluée à 30 % après une décennie de sélection (Trinh et al., 2021).

Par ailleurs, de nombreuses souches domestiques, comme BKE et BRI sont issues de stocks fondateurs très limités (Eknath & Hulata, 2009). Le brassage initial avec des souches sauvages devrait permettre d'augmenter fortement la diversité et l'hétérozygotie.

2.2. Objectif et méthode de sélection

Pour qu'un programme de sélection soit efficient, il doit être basé sur un pool génétique diversifié afin de pouvoir utiliser les effets génétiques additifs d'une part ; et sur la sélection de caractères présentant une héritabilité suffisante ($h^2 > 0,15$) pour assurer un gain phénotypique quantifiable à chaque génération d'autre part.

De nombreux caractères peuvent être choisis pour faire l'objet d'un programme de sélection, visant l'amélioration de la croissance, de l'efficacité alimentaire et donc de la productivité, de la fécondité, la résistance aux maladies, la survie, ou encore le recul de l'âge de la première maturité, ...

Le programme de sélection mis en place dans ce cas sera basé sur le trait le plus pertinent, qui est le poids corporel (reflétant la croissance). C'est en effet le principal trait que l'on souhaite améliorer puisqu'il va déterminer la productivité de la nouvelle souche.

Le poids corporel à la récolte est une bonne variable de sélection puisqu'il s'agit d'un caractère phénotypique continu, facilement mesurable sur des individus vivants, qui représente au mieux les performances de croissance (intégrant d'autres caractères comme le taux de conversion). C'est un caractère héritable, qui répond donc à une pression de sélection, orientée vers un accroissement de la croissance présente. L'héritabilité (h^2) peut varier de 0,06 à 0,6 (Yáñez et al., 2020), ce qui signifie que dans un environnement constant, on peut s'attendre à un gain moyen d'environ 30 % du différentiel de sélection. Le différentiel de sélection représente la différence entre la moyenne de la population et la valeur seuil définissant le pourcentage de poissons sélectionnés.

Différentes méthodes de sélection existent pour mettre en œuvre un programme d'amélioration. La sélection individuelle (ou massale) est une méthode simple et largement utilisée, qui vise à sélectionner les meilleurs individus sur base de leur phénotype. Elle s'applique à des caractères hautement hératables comme le poids corporel ou la longueur. En pratique, elle consiste dans sa forme la plus simple à sélectionner les plus grands individus comme parents de la génération suivante. C'est une méthode facile à mettre en œuvre, qui produit des résultats rapides. Cependant, son gros désavantage est de conduire à une augmentation rapide de la consanguinité qui réduit la variabilité et le potentiel de sélection (Gjedrem & Baranski, 2009).

La sélection familiale est basée sur le classement de groupes familiaux par rapport à leur performance moyenne, les meilleurs étant sélectionnés. Cette méthode présente l'avantage d'être plus robuste face aux variations des conditions environnementales et de permettre la sélection de caractères mesurables uniquement sur des individus morts (ex : rendement carcasse). Cependant, cette méthode demande un suivi et un enregistrement précis des pédigrées, ce qui nécessite un marquage individuel. Comme ce marquage ne peut se faire qu'à une certaine taille, chaque famille doit être élevée dans une structure individuelle (bassin, hapa) jusqu'au marquage, ce qui multiplie les besoins en infrastructures et rend cette méthode compliquée en raison des besoins techniques et matériels (Gjedrem & Baranski, 2009 ; Farias et al., 2017).

La sélection combinée (individuelle et familiale), utilisée dans la méthode GIFT, est basée sur l'utilisation des informations disponibles au niveau individuel ainsi que chez tous les parents au sens large et qui peuvent constituer un pédigrée : ascendants, collatéraux full-sibs¹ et half-sibs², descendants.

En sélection individuelle, la méthode appliquée, qui consiste à sélectionner les individus les plus performants sur base d'un différentiel de sélection, est simple mais peu efficace car très sensible aux variables environnementales qui ne peuvent être standardisées et varient d'un étang à l'autre et d'une saison à l'autre, ainsi que d'autres variables importantes telles que le sexe.

En sélection combinée, des méthodes statistiques (indices de sélection, Best Linear Unbiased Prediction) permettent d'augmenter la robustesse du programme de sélection en évaluant la valeur génétique (ou valeur d'élevage) transmise par un individu à sa progéniture, c'est-à-dire sa valeur en tant que parent, déterminée par la somme des effets moyens des allèles qu'il transmet. Elle est évaluée sur base du phénotype de l'individu et du phénotype de ses proches. En plus de valoriser l'ensemble de la variance génétique additive (individuelle et familiale), cette méthode tient compte de certains effets environnementaux, ce qui augmente encore la précision de l'évaluation.

Pratiquement, la détermination des valeurs génétiques et la mise en œuvre complète de cette méthode de sélection nécessite une expertise en génétique animale et en statistiques, ainsi que

¹ Individus ayant les deux parents en commun (frères-sœurs).

² Individus ayant un parent en commun (demi-frères, demi-sœurs).

l'utilisation de logiciels spécialisés pour l'analyse génétique (ex : ASReml). Il est donc fortement recommandé et essentiel que les agents du CNRA en charge du programme suivent une formation spécialisée en génétique quantitative et statistiques appliquées à la sélection génétique et travaillent en collaboration avec un service externe (ex : WFC) pour supporter le traitement de données et les choix stratégiques qui orienteront le programme de sélection.

2.3. Constitution de la souche synthétique

2.3.1. Souches parentales

Avant de démarrer un programme de sélection, il est essentiel de constituer une population de base qui présente la plus grande variabilité génétique additive. Afin de maximiser cette variabilité et le potentiel de performance de la souche synthétique dans différents environnements, le pool génétique de base sera constitué de l'ensemble des ressources génétiques disponibles, regroupant des souches d'élevage et sauvages. Ce pool génétique sera donc constitué à partir de 5 souches disponibles à la SRPAC :

- Bouaké (BKE)
- Brésil (BRI)
- Akosombo (AKS)
- Niger (NIG)
- Volta (VOL)

2.3.2. Production des géniteurs de chaque souche

Afin de pouvoir réaliser les croisements entre souches pour produire les individus qui constitueront la souche synthétique, il est nécessaire de disposer de géniteurs d'âge et de taille comparables pour chaque souche. La première étape sera donc de créer simultanément une nouvelle génération de géniteurs de chacune des 5 souches (Tableau 2, p10).

Idéalement, il faudrait utiliser 50 mâles et 50 femelles des stocks disponibles actuellement pour chaque souche comme parents. Etant donné les effectifs disponibles, les dernières générations produites seront utilisées : G_3 BKE, G_2 BRI et G_3 AKS.

Avant la mise en hapa de reproduction, les géniteurs doivent être maintenus sexes séparés dans des conditions optimales d'élevage, en particulier de nourrissage. Ils sont nourris à une ration de 2-5 % de la biomasse avec un aliment de qualité (taux protéines > 30 %). Les géniteurs de toutes les souches parentales peuvent être maintenus dans les bassins de 15 m³ de la zone biosécurisée, après libération de certains bassins contenant encore quelques individus des plus vieilles générations (G_1 BKE, G_0 BRI, G_0 - G_1 AKS qui occupent 8 bassins).

Afin de garantir une diversité maximale, il faudrait produire 50 familles de chaque souche. Les reproductions doivent donc se faire en petit hapa avec 1 mâle et 1 (ou 2) femelle(s) par hapa. Au total, 250 hapas (1m²) de reproduction doivent donc être mis en place pour cette étape. Idéalement, les hapas de reproduction de chaque souche (50) doivent être installés dans un étang distinct, séparé des étangs accueillant les hapas des autres souches. Cette séparation physique est essentielle pour éviter tout risque de mélange et de croisement entre souches dû à des poissons échappés (filets déchirés, erreurs de manipulations, ...).

Bien que laborieuse, cette méthode de production des souches parentales est recommandée pour garantir une diversité maximale au début de la procédure. En effet, une production en étang avec mise en commun de tous les géniteurs d'une même souche ne permet pas de contrôle sur le nombre de

familles contribuant à la descendance. Même avec un nombre important de géniteurs, il y a un risque de contribution importante de certains individus aux reproductions au détriment des autres, et donc de réduction de la diversité.

De plus, cette méthode permettra une production rapide et synchronisée des alevins. Cette étape durera quelques semaines, jusqu'à l'obtention d'une ponte/hapa.

Une fois la reproduction obtenue, les géniteurs sont retirés des hapas et les alevins peuvent être collectés pour constituer les nouvelles générations parentales. Chaque souche est conservée dans 2 bassins (lot). Au départ un effectif de 1000 individus/lot (soit 2000 individus/souche) est suffisant, avec une contribution égale de chaque famille produite, ce qui signifie que chaque lot est constitué de 20 individus de chaque famille.

Afin de contrôler cette phase de grossissement des nouveaux géniteurs avec une croissance aussi homogène que possible et d'obtenir après quelques mois des géniteurs d'âge et de taille semblables, il est recommandé de réaliser cette phase de grossissement dans les bassins de la zone biosécurisée. 10 bassins sont nécessaires. Les bassins de 1 m³, après réfection, conviendraient à cette étape. Au cours de la croissance, les effectifs de chaque lot peuvent être réduits jusqu'à 200-300 individus pour limiter la densité d'élevage.

Remarque :

Les souches AKS, VOL et NIG sont maintenues à la SRPAC dans le but unique d'enrichir le pool génétique de base de la souche améliorée. Une fois les premières étapes du programme de sélection réalisées et les premières générations produites, ces souches ne devront plus être conservées à la station, ce qui libérera des infrastructures et de la main d'œuvre. Par contre, l'objectif du CNRA est de poursuivre son rôle de conservation des souches BKE et BRI, en plus de la souche améliorée. Ces souches constituent une sécurité et seront toujours utilisées pour la dissémination d'alevins durant les premières années nécessaires à la mise en place et à l'obtention des premiers résultats du programme de sélection.

2.3.3. Croisement des parents et production de la G₀

L'étape précédente permettra de disposer de stocks de géniteurs de chacune des 5 souches, présentant une large diversité, et composés de poissons d'âge et de taille semblables. Après quelques mois de grossissement et atteinte de la maturité sexuelle, ces poissons pourront être mis en situation de reproduction afin de produire la population de base (souche synthétique, G₀).

La production de la G₀ est basée sur un croisement diallèle complet (inter- et intra-souches) tel qu'illustré au tableau 1.

Tableau 1. Plan de croisement diallèle pour la production de la G₀.

Femelle \ Mâle	BKE	BRI	AKS	NIG	VOL
BKE	BKE x BKE	BKE x BRI	BKE x AKS	BKE x NIG	BKE x VOL
BRI	BRI x BKE	BRI x BRI	BRI x AKS	BRI x NIG	BRI x VOL
AKS	AKS x BKE	AKS x BRI	AKS x AKS	AKS x NIG	AKS x VOL
NIG	NIG x BKE	NIG x BRI	NIG x AKS	NIG x NIG	NIG x VOL
VOL	VOL x BKE	VOL x BRI	VOL x AKS	VOL x NIG	VOL x VOL

Ces croisements sont réalisés sans a priori, ce qui signifie qu'aucune pression de sélection n'est appliquée au choix des géniteurs, réalisé au hasard.

Chacun des 25 croisements est répété au moins 3 fois, ce qui assure une contribution de 15 mâles et 15 femelles de chaque souche. Comme ces poissons devront par la suite être élevés en commun et évalués sur base de leurs performances de croissance, il est souhaitable de synchroniser au maximum les reproductions pour limiter les différences d'âge et l'influence des facteurs environnementaux. Dans ce schéma, la mise en place de ces croisements diallèles nécessitera 75 hapas de reproduction (1 m²) avec 1 mâle et 1 ou 2 femelle(s). En fonction des moyens matériels (étangs, hapas et pit-tags pour le marquage des alevins) et humains disponibles, il est recommandé d'augmenter le nombre de répétitions jusque 6 (production de 150 familles de lignées pures et croisées).

Les alevins sont élevés dans les hapas jusqu'à atteindre une taille adéquate pour le marquage (~10 g). Le marquage se fait en pratiquant une petite incision dans la paroi de la cavité abdominale du poisson pour y insérer un pit-tag (transpondeur passif). Différentes tailles de pit-tag sont disponibles. Les plus petits (8 mm) sont recommandés dans ce cas-ci.

Il est possible de marquer des poissons de plus petite taille, à partir de 3-5 g. Cependant, le marquage de poissons de cette taille peut conduire à des mortalités allant jusqu'à 50 % (Goro, 2018), ainsi que le rejet, ou la perte du pit-tag par le poisson. A partir de 15-20 g, il est possible d'insérer le pit-tag dans la musculature épaxiale du poisson, ce qui est moins invasif et réduit le traumatisme physique infligé au poisson.

200 alevins de chacun des 25 croisements sont marqués à l'aide de pit-tags. Cela représente 30 à 70 individus par famille full-sib, suivant le nombre de familles produites dans chaque croisement. Le nombre de poissons marqués peut être adapté en fonction des moyens disponibles (un pit-tag de 8 mm coûte entre 1,5 et 2 €).

Remarque :

Le marquage des poissons (en intra-péritonéal ou intra-musculaire) doit toujours se faire sous anesthésie. Par ailleurs, étant donné le risque de perte de pit-tag sur des poissons de petite taille (< 20-30 g), il est conseillé d'augmenter d'au moins 10 % l'effectif de poissons marqués.

Une fois les poissons marqués et les informations d'identification enregistrées (croisement, n° de famille), les poissons peuvent être groupés pour un élevage en commun. Le grossissement en commun peut se faire dans 3 étangs. Les conditions d'élevage doivent être optimales et homogènes (en particulier le rationnement alimentaire) afin de limiter les effets de l'environnement sur la croissance.

Lorsque les poissons ont atteint la maturité sexuelle, les futurs géniteurs peuvent être sélectionnés sur base du poids corporel pour constituer la G₀. A cette étape où le brassage génétique n'est pas important et où on dispose de 25 lignées pures et croisées, il est important d'assurer une représentation d'un maximum de lignées dans les géniteurs sélectionnés. Les poids individuels doivent donc être comparés aux moyennes des lignées, pour chaque sexe, afin de sélectionner les meilleurs poissons de chaque lignée. S'il s'avère qu'une lignée présente des performances médiocres par rapport à la moyenne de l'ensemble des populations (seuil à déterminer sur base des capacités analytiques acquises, voir §5), elle peut être écartée du plan de sélection.

Tableau 2. Résumé des étapes nécessaires à la production de la souche synthétique de tilapia (G₀).

ETAPES	OPERATIONS	TEMPS	OPERATIONS	CROISEMENTS DIALLELES						RESULTATS	INFRASTRUCTURES
Souches parentales	Constitution des lots	2 mois	Constitution des lots	BKE	BRI	AKS	NIG	VOL		16 bassins 15m ³	
Production de géniteurs de même âge	Reproduction intra-souches	3 mois	Reproduction intra-souches	BKE x BKE	BRI x BRI	AKS x AKS	NIG x NIG	VOL x VOL	Alevins de chacune des 5 souches	250 hapas 1m ² / 5 étangs	
	Pré-grossissement des alevins intra-souches	3 mois	Pré-grossissement des alevins intra-souches							10 bassins de 1m ³	
	Grossissement des alevins produits	4 mois	Grossissement des alevins produits	BKE	BRI	AKS	NIG	VOL	Géniteurs mâles et femelles pour chaque souche		
Production de la génération G₀	Croisements diallèles complets (inter et intra souches)	3 mois	Croisements diallèles complets (inter et intra souches)	Femelle	BKE	BRI	AKS	NIG	VOL	Alevins de chacun des 25 croisements. Chaque croisement sera répété 3 fois.	75-150 hapas de 1m ²
				Mâle							
				BKE	BKE x BKE	BKE x BRI	BKE x AKS	BKE x NIG	BKE x VOL		
				BRI	BRI x BKE	BRI x BRI	BRI x AKS	BRI x NIG	BRI x VOL		
				AKS	AKS x BKE	AKS x BRI	AKS x AKS	AKS x NIG	AKS x VOL		
				NIG	NIG x BKE	NIG x BRI	NIG x AKS	NIG x NIG	NIG x VOL		
VOL	VOL x BKE	VOL x BRI	VOL x AKS	VOL x NIG	VOL x VOL						
	Pré-grossissement des alevins de chacun des 25 croisements	3-4 mois	Pré-grossissement des alevins de chacun des 25 croisements							Obtention d'alevins de 10 g	
	Marquage des alevins (Puce électronique)	1 semaine	Marquage des alevins (Puce électronique)							Individus de chacun des 25 croisements seront marqués individuellement (200 alevins par croisement)	
	Grossissement en commun des alevins marqués	4 mois	Grossissement en commun des alevins marqués	Elevage des alevins marqués (3 répétitions)							3 étangs
	Sélection des géniteurs		Sélection des géniteurs	Sélection des mâles et femelles présentant les meilleures croissances pour constituer la G ₀						Obtention de la population de base ou de la G ₀ (après analyse)	

2.4. Production et sélection des générations suivantes

2.4.1. Plan de croisement et reproduction

Avant la phase de reproduction des géniteurs de la G_0 pour produire la G_1 , les géniteurs sélectionnés sont maintenus sexes séparés en hapas ou dans les bassins de la zone bio-sécurisée. Il est important que les géniteurs soient maintenus plusieurs semaines dans le même environnement afin de maximiser la synchronisation de la maturation sexuelle et pouvoir contrôler l'alimentation. Durant cette phase de conditionnement, les géniteurs sont nourris ad libitum (2 à 5 % de la biomasse) avec un aliment commercial riches en protéines (> 30 %).

La production de la G_1 se fait sur base d'un plan de croisement hiérarchisé (*nested mating design*) des géniteurs sélectionnés de la génération G_0 . Chaque mâle est croisé au hasard avec 2 femelles pour produire des familles half-sib. Il est cependant important d'éviter des croisements entre individus génétiquement proches (frères-sœurs, demi-frères-sœurs, cousins-cousines). La récolte d'informations sur des familles half-sib et full-sib permet le calcul de paramètres phénotypiques et génotypiques (héritabilité, corrélation phénotype/génotype) essentiels pour évaluer la valeur d'élevage, et en améliore son estimation.

Pour la reproduction, les femelles sont d'abord placées individuellement dans les hapas (1 m²) de reproduction. Les mâles sont ensuite ajoutés avec les femelles (1 mâle-1 femelle/hapa) présentant les signes de maturité sexuelle les plus avancés (protubérance et couleur de la papille génitale). Après 10 à 14 jours, les hapas sont contrôlés et les alevins (swim-up) récoltés dans la bouche des femelles. Si les progénitures sont toujours au stade embryonnaire (œuf) ou en phase de résorption (alevins vésiculés), les femelles en incubation sont gardées dans les hapas jusqu'à ce que les alevins nagent librement (fin de la résorption). Si les œufs ou alevins en résorption sont accidentellement libérés par la femelle (en raison des manipulations), ils peuvent être collectés pour être incubés artificiellement en écloserie avant d'être transférés dans les hapas d'alevinage dès la fin de la résorption vitelline.

Une fois la reproduction réalisée, la femelle est replacée dans le stock de géniteurs et le mâle est placé dans le second hapa avec une autre femelle pour la production de familles half-sib.

2.4.2. Sélection des géniteurs et taille de la population efficace

La taille de population efficace correspond au nombre de géniteurs (participant à la reproduction) nécessaire pour maintenir le taux de consanguinité et la dérive génétique à un niveau faible, proche d'une population naturelle.

La taille de population efficace (N_e) est calculée de la manière suivante :

$$N_e = 4N_f N_m / (N_f + N_m)$$

On considère généralement une population efficace de 100 (50 mâles et 50 femelles) comme un minimum pour maintenir l'augmentation du taux de consanguinité à moins de 1 % par génération.

Dans le cas du plan de croisement hiérarchisé proposé, le nombre minimum de géniteurs utilisés à chaque génération et de 50 mâles et 100 femelles (production de 100 familles full-sib et half-sib), ce qui correspond à une N_e de 133. Suivant les moyens humains et matériels mobilisés et disponibles, il est souhaitable d'augmenter la N_e . Sur le moyen terme, une $N_e > 100$ permet de contenir le taux de consanguinité et garantir l'héritabilité des caractères sélectionnés sur plusieurs décennies. En théorie, une population qui conserve tout son potentiel évolutif, et donc ses capacités d'adaptation à des changements de l'environnement, doit présenter une $N_e > 500$, ce qui n'est pas envisageable en

termes de gestion matérielle dans un programme génétique (Ponzoni et al., 2010).

En pratique, il est recommandé de maintenir une $N_e \geq 133$ et de conserver un backup de la souche dans un autre environnement. La conservation décentralisée de la souche (dans une écloserie publique partenaire p. ex.) permettrait en effet de sécuriser la ressource en cas de catastrophe environnementale (inondation) ou autre, d'élargir le pool génétique potentiel conservé et de pouvoir échanger des géniteurs pour soutenir le programme sur le long terme.

2.4.3. Alevinage

Les hapas d'alevinage sont identiques aux hapas de reproduction. Cependant, afin de contrôler le nombre de poissons et d'uniformiser au maximum les conditions environnementales pour la croissance, il est préférable d'installer les hapas d'alevinage dans un autre étang. Lors de la collecte des alevins, ceux-ci sont comptés et placés dans les hapas d'alevinage à une densité de 200 alevins/m². Chaque famille est maintenue dans un hapa isolé jusqu'au marquage. Après 3-4 semaines d'élevage, les alevins peuvent être transférés en hapas avec des mailles plus larges afin d'améliorer la circulation, et par conséquent la qualité d'eau.

Les poissons sont élevés jusqu'à une taille adéquate pour le marquage (~10 g). Une fois les poissons marqués et les informations d'identification enregistrées, les poissons peuvent être groupés pour un élevage en commun jusqu'à la sélection des géniteurs de la génération suivante.

2.4.4. Elevage en commun

La sélection des futurs géniteurs vise un effectif minimum de 20-30 poissons par groupe full-sib, ce qui représente 1000-1500 individus. Les poissons sont placés en étang de grossissement jusqu'à la maturation sexuelle et la sélection des géniteurs de la génération suivante. Il est conseillé d'augmenter cet effectif et de répliquer cet élevage dans 2 ou 3 étangs, en veillant à homogénéiser autant que possible les conditions environnementales d'élevage, en particulier le nourrissage.

2.4.5. Collecte de données

Le plan de gestion, de croisement et de sélection doit reposer sur un registre de données aussi précis et complet que possible, incluant les numéros d'identification des poissons, les données de reproduction et de croissance, les effectifs, ainsi que les données environnementales et d'élevage récoltées : température, rations alimentaires Ces données sont notamment essentielles pour garantir la standardisation des conditions d'élevage afin d'évaluer les performances des poissons et pouvoir appliquer une pression de sélection.

Pour les données d'élevage, il est nécessaire de mesurer :

- La taille des géniteurs (afin d'équilibrer la taille des géniteurs mâles et femelles mis en hapas de reproduction).
- Le nombre et la taille des alevins collectés dans chaque hapa de reproduction et à chaque étape de croissance (transfert en hapa d'alevinage, et en étang de prégrossissement)
- La survie de chaque groupe
- Les rations alimentaires distribuées quotidiennement
- Les paramètres environnementaux et de qualité d'eau (T°, O₂, pH).

2.5. Caractérisation des performances zootechniques et mesure de la réponse génétique

Il est important de pouvoir évaluer l'efficacité du programme d'amélioration et donc de pouvoir mesurer la réponse génétique à la sélection. Celle-ci peut-être prédite dans le cas de la sélection individuelle pour un caractère unique et dépend de l'intensité de sélection (dont dépend le différentiel de sélection pour le caractère considéré entre l'individu et la moyenne de la population), de l'héritabilité et de la variance mesurée pour ce caractère (Gjedrem & Baranski, 2009).

La principale difficulté liée à la mesure réelle du gain génétique, est qu'elle passe par une mesure des changements phénotypiques dans le temps, qui sont le résultat des effets génétiques et environnementaux et de leurs possibles interactions. En particulier, les conditions environnementales peuvent varier d'un étang à l'autre mais surtout d'une année à l'autre. Les tests de croissance destinés à évaluer le gain génétique doivent donc se faire en comparant la nouvelle génération sélectionnée avec une population témoin élevée en même temps dans le même environnement.

Durant les premières étapes du programme, la population de base G_0 sera conservée et pourra servir de géniteurs à la population témoin. Par la suite la réponse pourra être évaluée en comparant la dernière génération produite (G_n) par rapport aux générations précédentes (G_{n-1} ou G_{n-2}) conservées à la station.

Pour réaliser ces tests, il faudra donc produire en même temps des alevins de la génération évaluée et de la génération contrôle, afin d'obtenir des poissons du même âge, et les élevés en commun dans le même environnement pour réduire au maximum l'influence de celui-ci. Afin de reconnaître la génération d'origine des poissons (G_n vs G_{n-1}), soit les populations sont maintenues dans le même étangs mais séparées dans des grands hapas différents, soit les alevins sont mis en commun et marqués par groupe par finclippage (ablation d'un petit morceau de nageoire).

Ce travail d'évaluation est nécessaire, mais relativement laborieux puisqu'il demande la production simultanées d'alevins de 2 générations différentes avec suffisamment de diversité (familiales) pour représenter la population dans son ensemble. Il est donc recommandé d'utiliser des surplus de production pour ne pas devoir mettre en place des reproductions dédiées uniquement à cette phase d'évaluation.

Lors de la production de la dernière génération à partir des géniteurs sélectionnés, seuls 200 alevins par famille seront conservés pour le pré-grossissement en hapa. Les surplus peuvent donc être conservés à cette étape pour les tests de croissance. La génération précédente (contrôle) devrait, elle, servir à fournir les producteurs de la filière en alevins. En synchronisant ces deux productions, il est donc possible de produire des alevins du même âge de deux générations différentes pour réaliser ces tests de performance sans avoir à produire des populations à propos.

Par ailleurs, bien que le programme de sélection vise la production de géniteurs et donc la sélection de poissons des deux sexes, les résultats finaux de performance seront probablement évalués chez les producteurs sur des populations inversées monosexes mâles. Afin d'évaluer les performances de la souche dans les conditions de production et de réduire la variabilité liée au sexe, il est conseillé de réaliser les tests de performances et la mesure du gain sur des populations monosexes.

3. Conservation et gestion des souches

3.1. Conservation des souches

La volonté du CNRA étant de jouer un rôle de conservation des souches en plus de la dissémination des ressources, en particulier la souche améliorée, il faut appliquer le même plan de gestion et de croisement aux autres souches conservées (BKE, BRI). Cela ne signifie pas qu'on leur applique un programme d'amélioration, mais qu'on suit les plans de croisement de géniteurs adaptés à la conservation d'une diversité génétique maximale au sein de chaque souche. Une pression de sélection peut être appliquée ou non à chaque nouvelle génération produite.

3.2. Caractérisation génétique des souches

Il y a actuellement peu de données disponibles sur la diversité des ressources génétiques des souches maintenues à la SRPAC (depuis la crise de 2011). La stratégie mise en place est donc la constitution d'une souche synthétique pour le démarrage du programme de sélection. La G_0 de la nouvelle souche sera créée avec une approche sans a priori, en mélangeant les ressources génétiques des 5 souches disponibles avec une contribution égale, afin de créer le pool génétique le plus large et le plus diversifié.

Pour s'en assurer et pouvoir suivre le développement du programme et de la nouvelle souche, l'utilisation d'outils génétiques moléculaires est recommandée afin de :

- 1) Evaluer la variabilité génétique de chaque souche parentale, son taux de consanguinité et l'absence d'introgression. Cette caractérisation est un préalable à la constitution de la souche synthétique. Une diversité extrêmement faible ou la présence de matérielle génétique exogène (introgression) pourrait être un critère d'exclusion de la souche à son utilisation dans la constitution du pool génétique de base. Comme la 1^{ère} étape de la constitution de la G_0 passe par la production de géniteurs du même âge de chacune des souches, la caractérisation génétique de départ peut se faire en parallèle pour ne pas perdre de temps dans le démarrage du programme.
- 2) Evaluer la variabilité génétique de la nouvelle souche à chaque génération.
- 3) Etablir des pédigrées et caractériser l'historique de chaque génération.

L'utilisation de marqueurs génétiques et d'outils génomiques peut être appliquée à différentes étapes du programme d'amélioration, pour garantir la qualité et l'efficacité des procédures mise en place, et éventuellement pour accélérer et renforcer le processus de sélection.

En plus de la sélection basée sur les pédigrées, les programmes d'amélioration génétique du tilapia ont été renforcés dans les années 2000 par l'utilisation de marqueurs génétiques permettant d'établir les relations d'apparentement. Les microsatellites sont des séquences d'ADN composées de motifs répétitifs dont le polymorphisme permet leur utilisation comme marqueurs génétiques pour l'étude des populations. En plus des relations d'apparentement, ces marqueurs permettent d'analyser la variabilité génétique et le taux de consanguinité au sein d'un groupe, ainsi que les distances génétiques entre différents groupes. Pour être efficace, cette approche doit être basée sur un nombre de marqueurs suffisant, en utilisant la technique de PCR multiplex. Les équipements et connaissances nécessaires à la mise en œuvre de cette technique semblent être présents au laboratoire de biotechnologies de la DG du CNRA à Abidjan.

Depuis les années 2010, la plupart des programmes de sélection sont basés sur l'utilisation de SNPs

(Single Nucleotide Polymorphism). Les SNPs offrent un génotypage plus précis qui offrent plus de puissance à l'analyse mais permet également l'identification de traits quantitatifs visés par la sélection. L'analyse des SNPs nécessitent un séquenceur et des services spécialisés qui sont actuellement sous-traités à l'étranger par le CNRA.

Dans le contexte ivoirien, l'utilisation de marqueurs génétiques comme outil d'aide au programme de sélection doit se faire en fonction des moyens (sous-traitance, collaboration, ou formation et équipements des équipes en place) disponibles. Il n'est pas nécessaire de déployer immédiatement de grands moyens dans ce volet.

Cependant, il est fortement recommandé de réaliser une analyse sur les populations de base (5 souches) afin de vérifier d'une part le niveau de diversité génétique, l'absence d'introgession ou d'hybridation par d'autres espèces.

Par la suite, les outils génétiques peuvent servir à vérifier le maintien de la diversité et le taux de consanguinité à chaque génération, et fournir des données pour améliorer la traçabilité et les pédigrées des géniteurs.

3.3. Back-up des géniteurs

Lors de la sélection des géniteurs, il est recommandé de conserver un lot de géniteurs potentiels avec une valeur génétique proche des poissons sélectionnés afin de pouvoir parer toute éventualité qui occasionnerait la perte des géniteurs ou des données de suivi : mortalités, fuites, perte de pit-tag.

4. Proposition de développement des infrastructures – besoins techniques

La zone biosécurisée, dédiée à la conservation des souches comporte 6 étangs de 400 m² dont 2-3 sont actuellement utilisés en permanence pour stocker des géniteurs.

Pour chaque souche conservée, il est nécessaire de pouvoir stocker 3 générations, chacune stockées dans 2 bassins différents, ce qui multiplie les infrastructures nécessaires au stockage des géniteurs, si l'on considère un total de 6 souches (5 souches identifiées + 1 souche synthétique améliorée). Il sera donc nécessaire de réaliser un phasage de la stratégie de conservation et d'amélioration en tenant compte des besoins matériels globaux (stockage, reproductions, grossissement, ...).

Le souhait des acteurs locaux est de conserver des descendance pure des souches Bouaké (patrimoniales) et Brésil (utilisée pour fournir des alevins/géniteurs performants en attendant les résultats du programme d'amélioration).

Dans la mise en place du programme, une fois la G₀ de la souche synthétique produite et sa qualité vérifiée, les autres souches (AKS, VOL, NIG), utilisées uniquement pour enrichir la variabilité génétique du pool constitué, pourront être éliminées pour alléger l'occupation des infrastructures.

L'ensemble du programme de conservation et d'amélioration ne pourra être réalisé dans son ensemble à l'intérieure de la zone biosécurisée. Les autres structures (étangs) devront être également utilisés pour mener à bien ce programme. Dans cette perspective, il est recommandé d'installer un système de traitement des effluents pour éviter les échappés vers le milieu naturel, et éventuellement assurer un traitement de l'eau qui contiendrait des résidus de traitement hormonal.

Si la capacité globale des infrastructures de la SRPAC est potentiellement suffisante (nombre et volume

d'étangs et de bassins) pour mener à bien ce programme, il sera nécessaire de réaliser les réfections et modifications proposées (cf. Rapport 2) sur la zone biosécurisée et la zone de quarantaine afin de pouvoir accueillir les nouvelles souches et gérer correctement l'ensemble des stocks.

Pour la zone biosécurisée, il s'agit principalement de la réfection complète des bassins (arrivées d'eau et évacuations, bétons), ainsi que de la réparation et /ou du remplacement des filets de protection (aériens et latéraux). Pour la zone de quarantaine, cela concerne l'augmentation de la capacité du château d'eau, l'installation d'un groupe électrogène qui permet d'assurer l'approvisionnement en eau et en air en cas de problème d'alimentation électrique, et l'installation d'un système d'aération (soufflantes) fiable avec une capacité suffisante.

5. Proposition de renforcement des capacités

5.1.1. Développement des compétences en génétique

Les compétences manquantes à la SRPAC pour mener à bien ce programme peuvent être soit recherchées à l'extérieur (consultance et accompagnement), soit développées au sein de la SRPAC (préférentiellement recommandées pour la pérennité).

Il s'agit notamment des compétences liées à :

- L'utilisation des marqueurs génétiques (SNPs) destinés à la caractérisation et la conservation des souches.
- L'utilisation des marqueurs génétiques dans l'étude des relations de filiation et l'établissement des pédigrées.
- Le traitement de données et l'utilisation de programmes statistiques dédiés à la gestion d'un programme de sélection (détermination des valeurs d'élevage) ?
- L'accompagnement des choix stratégiques lors des étapes de sélection.

Il sera nécessaire de faire appel à un service d'expertise externe en gestion des ressources génétiques aquacoles afin de fournir un support à l'analyse des données et aux choix stratégiques en terme de sélection.

Concernant la formation (ou la sous-formation) à l'utilisation des marqueurs génétiques, il est possible de faire appel à des compétences externes au travers de la section ivoirienne de la Société Africaine de Génétique (SAGE). Il existe également des ressources en génétique des populations et génétique quantitative animale au sein de l'Université Félix Houphouët-Boigny (Dr Didier Paulin Sokouri), dont 4 chercheurs en amélioration génétique animale collaborent avec le CNRA, ainsi qu'à l'Université Nangui Abrogoua (Pr Béatrice Gourène), au Centre de Recherche Océanologique (Dr Coulibaly), et à l'Université Polytechnique de Bingerville (Dr. Khan) Par ailleurs, des collaborations avec le CIRDES (Bobo-Dioulasso, Burkina Faso) ont déjà été établies pour des études de génotypage.

Cette formation devrait être suivie par l'ensemble des chercheurs impliqués dans le programme d'amélioration génétique au sein de la SRPAC : la gestionnaire de programme et le(s) chercheurs généticiens (1-2) recrutés pour sa mise en œuvre.

5.1.2. Renforcement du personnel

Idéalement, les besoins humains (SRPAC) pour mener à bien ce programme de conservation et d'amélioration se composeraient de : 3 chercheurs en génétique, 1 assistant de recherche, 2 techniciens et 3 manœuvres (Figure 1).

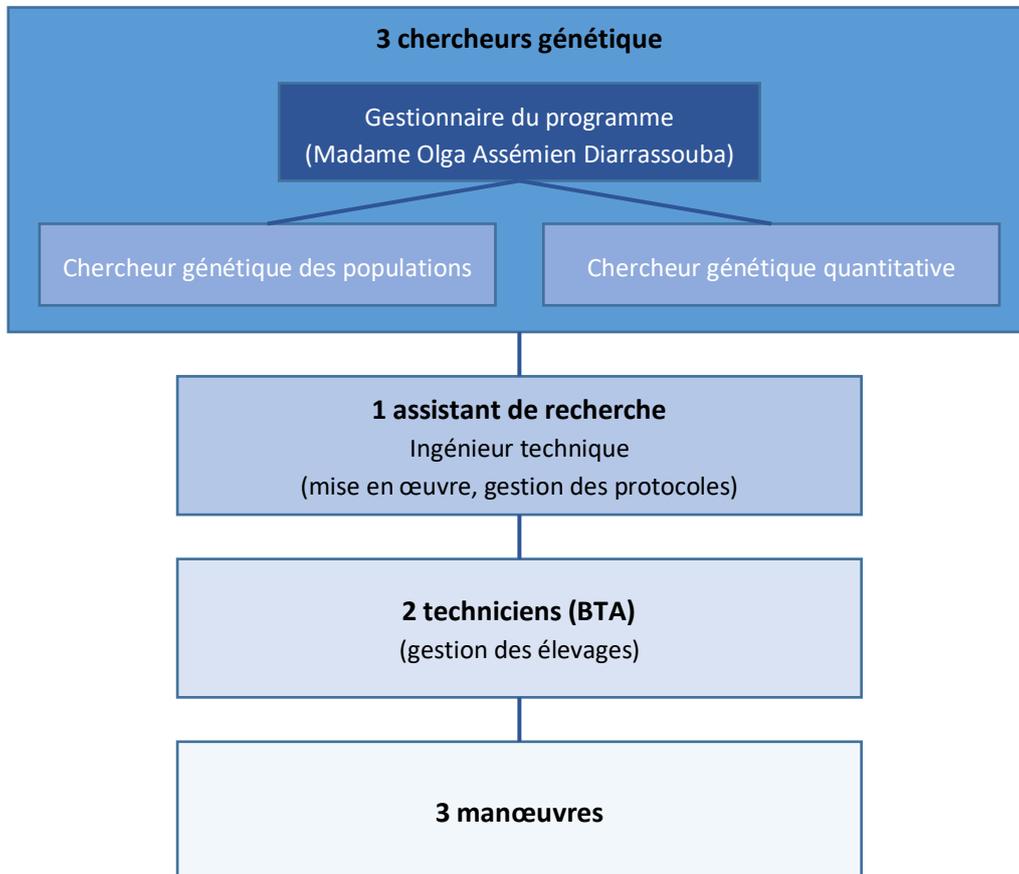


Figure 1. Ressources humaines nécessaires pour la gestion et la mise en œuvre du programme de conservation et d'amélioration génétique.

Tous ces postes, en particulier techniques, pourraient ne pas être affectés à 100 % sur le programme d'amélioration génétique et être impliqués dans la réalisation d'autres activités de la SRPAC. Le schéma proposé est un schéma optimal. Le taux d'affectation dépendra de la saisonnalité de la charge de travail en lien avec le programme et de la gestion interne de l'ensemble des activités de la SRPAC.

6. Approche stratégique pour la mise en place du programme

6.1. Import de souches et quarantaine

Il faudra attendre 3 à 4 ans avant que le programme d'amélioration porte ses fruits et permette de fournir des géniteurs et des alevins de la souche améliorée pour la production. Entre-temps, il est souhaitable de pouvoir contrôler, voire éviter les nouvelles importations de souches sur le territoire. Les importations sont soumises à accord par les autorités nationales et à une obligation de quarantaine. Cependant, les capacités de quarantaine sont très limitées, actuellement localisées uniquement à la station de Bouaké. Pour que le programme d'amélioration et que la nouvelle souche

locale soit adoptée par le secteur de la production, et que le CNRA renforce son rôle dans la conservation nationale des ressources génétiques du tilapia, il est recommandé :

- De démarrer le programme d'amélioration dans les meilleurs délais.
- De continuer à assurer un service de production d'alevins et de géniteurs de la souche Bouaké et/ou Brésil à la SRPAC et/ou dans les écloseries publiques afin d'éviter les introductions sauvages de nouvelles souches.
- De développer d'autres structures de quarantaine sur le territoire afin de pouvoir contrôler les importations. Outre l'aménagement des infrastructures, ce développement devra inclure la formation des agents responsables à la gestion des ressources génétiques et de la quarantaine.
- D'impliquer l'interprofession dans la mise en place de bonnes pratiques et de sensibilisation à la gestion des ressources génétiques en production (risques d'érosion des ressources génétiques, risques sanitaires liés à l'introduction de nouvelles souches).

L'introduction de nouvelles souches, notamment NIG et VOL doit se faire avec une mise en quarantaine et un contrôle sanitaire étroit.

Une attention particulière doit être apportée aux risques d'importation de maladies connues chez le tilapia (*Streptococcus*, TiLV).

6.2. Diffusion vers les producteurs

Afin de pouvoir démontrer le potentiel de production et le gain apporté par la souche améliorée, il est important de tester les poissons produits et de comparer leurs performances à celles des souches initiales (BKE, BRI). La diffusion de ces résultats auprès des fermes multiplicatrices et producteurs-grossisseurs constituera un outil important d'adhésion et de soutien au programme. L'organisation de séances d'information auprès des bénéficiaires finaux sera aussi un atout non négligeable à la bonne gestion de la nouvelle souche.

Cette adhésion est importante pour assurer le succès du programme, renforcer le rôle central du CNRA dans la gestion des ressources génétiques et le développement de la filière de production, et limiter les importations sauvages. Elle peut se construire avant l'obtention des premiers résultats, dès le démarrage du programme, en informant les producteurs sur le programme et les résultats attendus, ainsi qu'en les sensibilisant à la gestion des ressources génétiques.

A chaque nouvelle génération, un surplus d'alevins est produit et ce surplus peut être valorisé pour la dissémination vers les écloseries et fermes de grossissement. Ce transfert se fera en choisissant des mâles et femelles provenant de familles différentes afin de maximiser la diversité génétique. Si ces surplus ne sont pas suffisants pour rencontrer la demande, des reproductions supplémentaires peuvent être mises en place en utilisant les géniteurs de la dernière génération sélectionnée.

6.3. Prérequis à la mise en place du programme

Les principaux prérequis qui vont déterminer le succès du programme mis en place sont :

- La constitution d'une population de base avec une large diversité génétique pour assurer une réponse à la sélection sur le long terme.
- Le renforcement quantitatif et qualitatif des capacités par le recrutement de personnel supplémentaire imputé au programme (Figure 1) et la formation du personnel en place aux procédures de sélection (traitement des données, utilisation de logiciel dédié à la gestion du

programme et l'évaluation des valeurs génétiques).

- La mise à disposition de moyens matériels suffisants : réfection des infrastructures d'élevage, disponibilité des équipements nécessaires (hapas, pit-tags), acquisition de matériel informatique et logiciels nécessaires à la gestion du programme.
- La rapidité de mise en œuvre du programme, permettant de fournir une réponse à la demande en poissons performants et éviter les importations non contrôlées de souches étrangères.

Pratiquement, les premières actions à mettre en œuvre sont :

- Former au moins une personne à l'analyse statistique des données et l'utilisation de logiciels dédiés au traitement des données du programme de sélection et la détermination des valeurs génétiques.
- Etablir une collaboration avec un service externe (CNRA, Université Cocody) qui possède les outils et l'expertise nécessaires pour réaliser une étude de la qualité et de la diversité génétiques des 5 souches qui constitueront la G₀.
- Recruter le personnel nécessaire.
- Libérer des moyens financiers, matériels et humains
 - solliciter les organismes et programmes subsidiant (CNRA, PDC2V, PSTACI)
 - établir une priorité sur les axes de recherche et développement et réaliser des choix sur la mise en œuvre, en privilégiant le programme d'amélioration au détriment d'axes moins prioritaires et/ou demandant des moyens matériels et humains importants (hybridation, RAS/aquaponie, diversification, cryoconservation).

Afin de d'optimiser la mise en place du programme d'amélioration initié par FISH4ACP et répondre aux besoins et attentes des autres programmes en cours (en particulier le PDC2V), il est nécessaire d'avoir une vue d'ensemble garantissant une cohérence technique et stratégique entre les activités de la SRPAC.

La gestion des activités du programme génétique et de production doivent être bien distinctes des activités de recherche de la SRPAC afin de ne pas « interférer » avec le bon déroulement du programme.

Il est recommandé de concentrer la mise à disposition des moyens matériels (infrastructures d'élevage) et humains sur le programme d'amélioration génétique au détriment éventuel de certains autres axes de recherche. Sans remettre en cause le programme de recherche et le cahier des charges des activités de la SRPAC (diversification, conservation, nutrition, production, ...), certains axes de recherche menés sur le tilapia ne semblent pas prioritaires dans la situation actuelle, et pourrait menacer la mise en œuvre du programme de sélection par la mobilisation des ressources. Notamment les recherches sur le monosexage par hybridation *O. niloticus* x *O. aureus*, qui demandera la mobilisation de volumes d'élevage importants pour le maintien d'une nouvelle espèce et des hybrides, et représente un risque génétique d'hybridation non contrôlée et d'introgession de la souche améliorée. De plus la dissémination de ce type de technologie et de gestion vers les producteurs pourrait être compliquée à mettre en pratique et ne présentera probablement pas une balance coût/bénéfice favorable face au monosexage par inversion hormonale.

6.4. Pérennisation et amélioration du programme

La pérennisation du programme tiendra principalement à :

- L'adéquation des moyens (matériels) mis en œuvre dans sa réalisation
- Le renforcement des capacités (recrutement, formation)
- L'obtention de résultats probants et leur diffusion
- La structuration de la filière assurant le rôle central du CNRA et la dissémination des ressources génétiques vers les écloséries et producteurs privés et publiques.
- La sensibilisation des producteurs au programme de gestion génétique
- La mise en place d'un plan d'autofinancement de la SRPAC sur le long terme.

A terme, il serait intéressant de renforcer également les contrôles sanitaires et assurer un suivi, en particulier sur les souches importées lors de leur séjour en quarantaine. Ces contrôles sanitaires, basés sur l'utilisation de marqueurs génétique spécifiques (Q-PCR) permettent de cibler l'identification des pathogènes les plus communs et les plus dangereux chez le tilapia (*Streptococcus* sp., *Flavobacterium* sp., *Francisella* sp., *Aeromonas* sp., *Edwardsiella* sp.) et de virus tel le Tilapia Lake Virus (TiLV).

Le TiLV est une maladie émergente dont la présence a été identifiée dans différents pays africains comme l'Égypte, l'Ouganda et la Tanzanie (Aich et al., 2022) et soupçonnée au Ghana et en Zambie (OIE, 2018). Ce virus cause des mortalités importantes dans différentes régions du monde. L'analyse d'événements pathologiques liés au TiLV a révélé que la résistance à cette maladie présente une héritabilité qui peut être exploitée pour développer des souches de tilapia résistantes (Benzie et al., 2021).

Ces aspects sanitaires sont importants pour assurer la qualité de la nouvelle souche, et également dans une perspective d'export. En effet, si le programme de sélection atteint les objectifs visés, la Côte d'Ivoire pourrait se positionner dans les prochaines années comme un centre de référence pour la diffusion de la souche en Afrique de l'Ouest.

7. Lecture recommandée

Gjedrem T, Baranski M (2009). Selective breeding in aquaculture: an introduction. Nielsen JL (ed). Reviews: Methods and Technologies in Fish Biology and Fisheries, vol 10. Springer, 221 p.

<https://link.springer.com/book/10.1007/978-90-481-2773-3>

WFC (2004). GIFT technology manual: an aid to tilapia selective breeding. WorldFish Center, Penang, Malaysia, 56 p.

<https://hdl.handle.net/20.500.12348/2067>

8. Références bibliographiques

- Aich N, Paul A, Choudhury TG, Saha H (2022). Tilapia Lake Virus (TiLV) disease: Current status of understanding. *Aquac Fish* 7(1):7-17.
- Benzie JAH, Beveridge MCM, Marwaha N (2021). Fish breeding and genetics for improved productivity, profitability and sustainability of small-scale farms. Penang, Malaysia: CGIAR Research Program on Fish Agri-Food Systems. Program Brief: FISH-2021-20.
- Ekmath AE, Tayamen MM, Palada-de Vera MS, Danting JC, Reyes RA, Dionisio EE, Capili JB, Bolivar HL, Abella TA, Circa AV, Bentsen HB, Gjerde B, Gjedrem T, Pullin RSV (1993). Genetic improvement of farmed tilapias: the growth performance of eight strains of *Oreochromis niloticus* tested in different farm environments. *Aquaculture* 111:171-188.
- Ekmath AE, Hulata G (2009). Use and exchange of genetic resources of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Rev Aquac* 1(3-4):197-213.
- WFC (2004). GIFT technology manual: an aid to tilapia selective breeding. WorldFish Center, Penang, Malaysia, 56 p.
- Farias TF, César JRDO, Silva LPD. 2017. Methods of Selection Using the Quantitative Genetics in Aquaculture-A Short Review. *Insights Aquac Biotechnol* 1:1-8.
- FAO (2023). Lessons from two decades of tilapia genetic improvement in Africa - Genetics in aquaculture. A case study. Rome. <https://doi.org/10.4060/cc4618en>.
- Gjedrem T, Baranski M (2009). Selective breeding in aquaculture: an introduction. Nielsen JL (ed). *Reviews: Methods and Technologies in Fish Biology and Fisheries*, vol 10. Springer, 221 p.
- Goro A (2018). Comparaison des performances de croissance des hybrides de quatre souches de *Oreochromis niloticus* (Linné, 1758) : (*Bouaké, Bandama, Sassandra et Brésil*). Mémoire de Master de Biotechnologie - Biosécurité – Bioressources, Université Félix Houphouët-Boigny, 46 p.
- Nugent C (1988). The status of wild and cultured tilapia genetic resources in various countries: Côte d'Ivoire. In: Pullin RSV (eds). 1988. *Tilapia Genetic Resources for Aquaculture*. Proceedings of the Workshop on Tilapia Genetic Resources for Aquaculture, 23-24 March 1987, Bangkok, Thailand. ICLARM, 115p.
- OIE (2018). Tilapia Lake Virus (TiLV) - A Novel Orthomyxo-like Virus. A TiLV disease card, OIE, 3 p.
- Ponzoni R, Khaw HL, Nguyen N, Hamzah A (2010). Inbreeding and effective population size in the Malaysian nucleus of the GIFT strain of Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*. 302 :42-48.
- Rognon X, Andriamanga M, McAndrew B, Guyomard R (1996). Allozyme variation in natural and cultured populations in two tilapia species: *Oreochromis niloticus* and *Tilapia zillii*. *Heredity* 76:640-650.
- Rognon X, Guyomard R (1996). Etude de la variation génétique chez des populations d'élevage de quelques espèces du genre *Oreochromis*. In: Pullin RSV, Lazard J, Legendre M, Amon Kothias JB, Pauly D (eds). *Le troisième Symposium International sur le Tilapia en Aquaculture*. ICLARM Conf. Proc. 41 : 441-449.
- Trinh TQ, Agyakwah SK, Khaw HL, Benzie JAH, Attipoe FKY (2021). Performance evaluation of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) improved strains in Ghana. *Aquaculture* 530:735938.
- Yáñez JM, Joshi R, Yoshida GM (2020). Genomics to accelerate genetic improvement in tilapia. *Anim Genet* 51(5):658-674.

Zeabiue C, Ouattara IN, Berte S, Kamagate B (2022). Performances zootechniques des alevins de trois souches du tilapia du Nil *Oreochromis niloticus* L., 1758 du paysage aquacole de la Côte d'Ivoire élevées en happa implanté dans un étang. *Agronomie Africaine* 34(2):191-198.