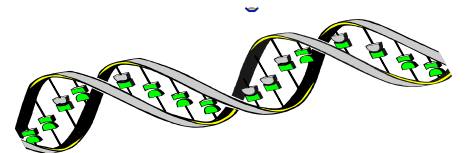
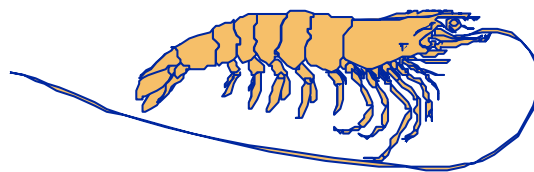
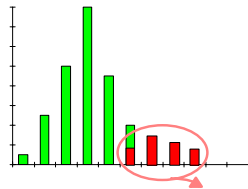


**Etude des tris précoces**  
**en élevage de crevettes *P. stylirostris***  
**dans un objectif de sélection génétique**



Rapport de stage

maître de stage : E. Goyard



## Résumé

L'optimisation des schémas d'amélioration génétique de la croissance de *Penaeus stylirostris*, passe nécessairement par la mise au point des techniques de tri rapide et facile à mettre en oeuvre par les acteurs de la filière.

Ce travail montre que les trieurs à barreaux ou à maille sont des outils adaptés à une sélection précoce en sortie d'écloserie, dans la mesure où la croissance précoce s'avèrerait héritable.

Les tris expérimentaux ont permis d'établir les formules permettant de calculer les poids de tris en fonction des dimensions des trieurs. Les trieurs à maille qui permettent de trier les crevettes dès PL19 ouvrent des perspectives intéressantes pour intégrer une démarche de sélection expérimentale au sein des écloseries de production.

## Abstract

Schemes optimisation for genetic improvement for growth of *Penaeus stylirostris* requires the development of technologies for grading shrimps easily.

This work shows that bar and mesh graders are very suitable for early selection at post-larval stages, as long as early growth is heritable.

Experimental data sets lead to the equations which give the grading weight as a function of the dimensions of the graders.

Mesh graders which allow an earlier selection than bar graders (PL19 instead of PL25) open a new way to implement experimental selection into production hatcheries.

**Mots-clés** : tri, sélection génétique, crevettes, *Penaeus stylirostris*

**Keywords** : grading, sorter, genetic selection, shrimps, *Penaeus stylirostris*

**Commentaire** :

## Remerciements

---

Je souhaite tout d'abord remercier vivement Emmanuel GOYARD, responsable de l'équipe génétique, qui a su m'encadrer, m'aider, m'orienter dans mon travail et faire de mon stage une expérience professionnelle très enrichissante.

Merci du fond du coeur à Emmanuel THOUARD, chef du Laboratoire d'Aquaculture Tropicale, et Jacques CALVAS, directeur du COP, qui ont bien voulu m'accueillir au COP durant ce stage.

Je tiens également à remercier toute l'équipe génétique, Jean-Marie, Robert, Vincent, René, Roger, Louise, Seb et Laurent qui étaient toujours disponibles à prêter main forte lors de mes manipulations et qui, par leurs conseils, leur patience et leur sourire ont veillé, tant au bon déroulement de mon stage qu'à l'élaboration de mon rapport.

Merci à tout ceux qui m'ont aidée à un moment ou à un autre pendant ces 5 mois, à l'ensemble du personnel du centre pour son accueil et sa sympathie, et un énorme merci à tous les V.A.T. et les stagiaires du centre, Max, Marc, Poto, Pierre, Seb, Yannick, Romaric, Benjamin et Tom et tous les autres.

Enfin, merci à ceux qui, de près ou de loin, par leur confiance et leur soutien, m'ont permis d'arriver jusqu'ici.

**Etude des tris précoces  
en élevage de crevettes *P. stylirostris*  
dans un objectif de sélection génétique**

**Sommaire**

---

**Première Partie : Les bases d'un programme d'amélioration  
génétique en aquaculture**

<b><i>I Notions de génétique.....</i></b>	<b>4</b>
<b>1. Analyse de la relation <math>P = G + E</math></b>	<b>4</b>
<b>2. Les différentes approches d'un programme de génétique</b>	<b>5</b>
<i>a. L'exploitation des génotypes existants</i>	5
<i>b. La création de nouveaux génotypes</i>	5
<b>3. Définition d'un programme d'amélioration génétique par sélection</b>	<b>6</b>
<i>a. La sélection : un programme cyclique</i>	6
<i>b. Les critères de sélection</i>	7
<i>c. Les différents types de sélection</i>	7
* La sélection massale ou phénotypique	7
* La sélection intrafamiliale	8
* La sélection interfamiliale	8
* Les méthodes combinées	9

<b>4. Facteurs influant sur l'efficacité de la sélection</b>	<b>9</b>
<i>a. La variabilité génétique</i>	<b>9</b>
<i>b. L'héritabilité d'un caractère</i>	<b>9</b>
<i>c. L'intervalle de générations</i>	<b>11</b>
<b>5. Les contraintes des programmes de sélection</b>	<b>12</b>
<b>II Le programme d'amélioration génétique en aquaculture.....</b>	<b>13</b>
<b>1. Au niveau mondial: poissons, nacres et crevettes</b>	<b>13</b>
<b>2. A l'échelle de l'IFREMER</b>	<b>13</b>
<b>3. Le programme d'amélioration génétique crevettes au Centre Océanique du Pacifique sur la <i>P. stylirostris</i></b>	<b>14</b>
<i>a. La crevette <i>P. stylirostris</i> élevée au COP</i>	<b>14</b>
* Les Pénéides	14
* Quelques mots sur la Biologie et l'élevage de <i>P. stylirostris</i> intéressant le généticien	15
<i>b. Les différentes stratégies adoptées au COP</i>	<b>15</b>
* Les actions en cours dans le cadre de l'exploitation des génotypes existants	16
~ conservatoire d'espèces	16
~ maintien d'une souche de <i>P. stylirostris</i> résistante à IHHNV	16
~ évaluation des caractéristiques génétiques de cheptel calédonien	17
* Les actions en cours dans le cadre de la création de nouveaux génotypes	17
~ sélection pour la croissance de <i>P. stylirostris</i>	17
~ recherche d'autres critères de sélection	17
* Les actions d'accompagnement	17
<i>c. L'action phare du COP : la sélection croissance</i>	<b>18</b>
* Principaux résultats	18
* Les perspectives de recherches à la suite de ce programme	19

## Deuxième Partie : Etude des tris précoces en élevage de crevettes *P. stylirostris* dans un objectif de sélection génétique

**I Introduction : définition de l'objectif.....21**

**II Matériel et méthodes.....24**

**1. Matériel 24**

**a. Les trieurs 24**

\* les trieurs à maille 24

~ description 24

~ utilisation 24

\* les trieurs à barreaux 25

~ description 25

~ utilisation 25

**b. La crevette *P. stylirostris* 25**

**2. Méthodes 27**

**a. Le trieur 27**

**b. Le tri 27**

**c. Traitements des données 28**

\* calcul du pourcentage de rétention pour chacune des 10 classes de taille de chaque sous-population 28

\* estimation du P0, P50 et P100 pour chaque tri 28

\* synthèse de l'ensemble des tris sur barreaux 29

\* synthèse de l'ensemble des tris sur maille 29

**III Résultats.....30**

**1. Les trieurs 30**

**2. Les tris sur barreaux 30**

**a. Tableau de synthèse des P0, P50 et P100 et calculs de précision 30**

**b. Graphique général 32**

**c. Etude générale de précision des trieurs à barreaux 33**

**3. Les tris sur maille 34**

**a. Le tri sur maille de 1mm 34**

<i>b. Les tris sur maille de 1.5 et 2mm</i>	34
<i>c. Graphique général</i>	35
<i>d. Comparaison des précisions des trieurs de 2mm, à maille et à barreaux</i>	36

#### **IV Discussion.....37**

##### **1. Observations et remarques faites au cours de la manipulation 37**

*a. Les mesures de l'écartement des barreaux 37*

*b. La variation des P0, P50 et P100 calculés pour un même trieur 37*

##### **2. Fichiers d'utilisation de ces données 38**

*a. La simulation de tri d'une population réelle : le fichier Simultri 38*

*b. La prévision de jour de tri en fonction du pourcentage souhaité d'individus retenus au sein d'une population supposée gaussienne : le fichier Simulj 42*

#### **V Conclusion.....44**

## Annexes

<i>Annexe 1</i>	<b>Schéma complet du cycle de sélection</b>	<b>46</b>
<i>Annexe 2</i>	<b>Formule permettant de calculer l'écart-type d'une variable au sein d'une population échantillonnée en 2 strates</b>	<b>47</b>
<i>Annexe 3</i>	<b>Etude et résultats graphiques des tris sur barreaux</b>	<b>49</b>
<i>Annexe 4</i>	<b>Etude et résultats graphiques des tris sur maille de 1mm</b>	<b>50</b>
<i>Annexe 5</i>	<b>Etude et résultats graphiques des tris sur maille</b>	<b>51</b>
<i>Annexe 6</i>	<b>Etude et résultats graphiques des tris sur maille de 1.5 et 2mm de <i>P. vanna</i></b>	<b>52</b>
	<b>Références bibliographiques</b>	<b>53</b>



# Première Partie : Les bases d'un programme d'amélioration génétique en aquaculture

## *I Notions de génétique*

### 1. Analyse de la relation $P = G + E$

L'objectif de la génétique quantitative est d'améliorer des caractères quantitatifs, c'est-à-dire des caractères qui présentent une variation continue, comme par exemple le poids, la taille, la croissance ou la résistance à un pathogène. Ces caractères n'ont généralement pas de déterminisme simple. Ils sont souvent sous la dépendance de nombreux facteurs génétiques et environnementaux.

Afin de pouvoir mener un programme d'amélioration génétique, il convient donc de comprendre la relation entre les concepts suivants : le phénotype, le génotype et l'environnement.

- Le **phénotype** est l'ensemble des performances mesurables de l'individu - cela peut être des caractères physiques visibles tout comme des caractères physiologiques, de résistance à un pathogène...-.
- Le **génotype** est l'ensemble des gènes de l'individu .
- L'**environnement** rassemble les conditions d'élevages, les facteurs caractéristiques du milieu dans lequel l'individu se construit et évolue depuis la fécondation .

La variable phénotypique  $P$ , mesurée, d'un individu, se traduit par la somme des actions de 2 paramètres fondamentaux : le génotype  $G$  et l'environnement  $E$ .

Les généticiens notent en première approximation :

$$P = G + E$$

*Remarque : La forme  $P = G + E$  est la forme approximée de la relation, utilisée en absence d'interaction entre  $G$  et  $E$ . Si l'on considère ces interactions, la formule devient :*

$$P = G + E + (G \times E)$$

## 2. Les différentes approches d'un programme de génétique

Avant de lancer un programme d'amélioration génétique, il est nécessaire de bien préciser les caractéristiques du produit final sachant que dans l'absolu, le but d'un programme d'amélioration des cheptels est d'augmenter, dans les populations d'élevages, la fréquence de certains génotypes plus adaptés aux contraintes biologiques, techniques et économiques de la filière ou de créer de nouveaux génotypes, *l'objectif général étant d'améliorer les productions.*

Le programme d'amélioration génétique peut alors être abordé selon plusieurs approches différentes qui peuvent se compléter.

### *a. L'exploitation des génotypes existants*

La première approche consiste en l'exploitation des génotypes existants. Effectuer des inventaires par l'étude des différentes populations se reproduisant de façon séparée et indépendante, prendre des mesures de gestion et de protection de populations particulières, exploiter de nouvelles espèces ou de nouvelles souches... toutes ces actions contribuent, par des choix raisonnés, au développement des filières de production et à l'évolution des génotypes des cheptels.

### *b. La création de nouveaux génotypes*

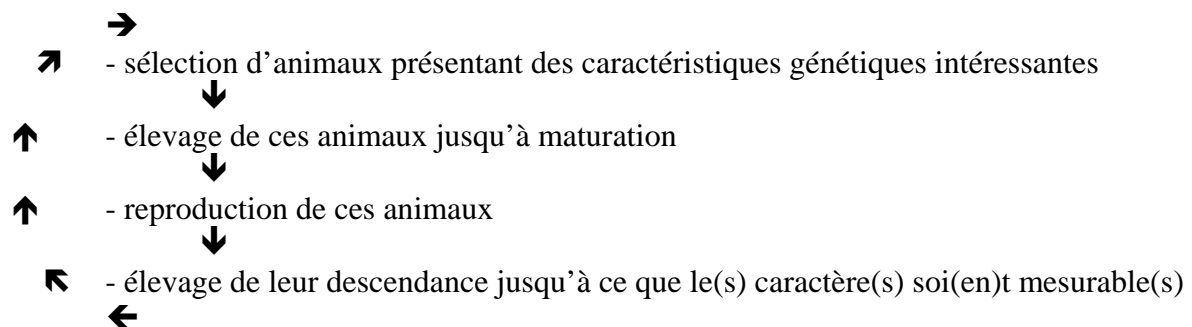
La création de nouveaux génotypes est la seconde approche d'un programme de génétique. Différentes méthodes sont alors exploitables :

- La **sélection de reproducteurs** selon un ou plusieurs critères, suivie de croisements raisonnés ;
- La **polyploïdisation** qui permet chez certaines espèces, de produire des individus stériles, qui reconvertissent en croissance l'énergie normalement allouée à la reproduction (méthode employée en pisciculture et en ostréiculture) ;
- La **transgénése** qui est une méthode encore peu utilisée dans le monde animal de par les réticences des consommateurs à consommer des O.G.M. et les réglementations en vigueur.

### 3. Définition d'un programme d'amélioration génétique par sélection

#### a. La sélection : un programme cyclique

Tout programme de sélection génétique pour un ou plusieurs caractère(s) donné(s) repose sur l'hérédité de ces caractères et sur la répétition de génération en génération des opérations suivantes :



*Remarque : Ce cycle est simplifié ; le moment de sélection dépend du caractère mesuré.*

*L'annexe 1 présente un schéma plus complet du cycle de sélection.*

La performance d'un individu (croissance, survie...) est l'expression de son potentiel héréditaire dans les conditions du milieu dans lequel il se développe (température de l'eau, débit...). La sélection est donc définie comme le choix et la reproduction préférentielle des individus ou des groupes d'individus présentant les performances les plus satisfaisantes pour un ou plusieurs critères donnés. Sur cette sélection repose le principe de l'amélioration.

La tenue d'un registre permettant de connaître les généalogies ou au moins les généalogies potentielles en aquaculture, d'élevage de lots multiparentaux est évidemment indispensable à la bonne gestion des cheptels entrant dans le programme de génétique.

*Remarque : Il est intéressant de noter la différence entre la sélection, qui est, on le verra par la suite (§ II 3.) une action engendrant un cumul du progrès génétique, et la tripléidisation qui reste une action ponctuelle dans le temps ; l'intérêt de cette dernière action est tout de même multiple :*

- on peut espérer un gain de croissance car les animaux sont stériles, ce qui leur permet de redistribuer vers la croissance, l'énergie normalement utilisée à la production de gamètes ;
- cette technique utilisée sur des animaux améliorés permet de commercialiser des animaux stériles, ce qui est une manière de protéger le progrès acquis ;
- cette technique limite le risque de diffusion et de transfert de gènes de la population améliorée vers les populations sauvages.

*Ainsi, contrairement à la sélection génétique, qui est un investissement à long terme permettant d'engendrer un progrès qui se cumule de génération en génération, l'approche cytogénétique peut permettre un progrès immédiat mais non cumulatif (et non conservé) de génération en génération : les techniques (stress chimique, thermique ou de pression appliqués à un stade précis du développement de l'œuf) doivent être mises en œuvre à chaque ponte. Une fois mise au point, la technique peut être appliquée à certains élevages, abandonnée, puis reprise, sans hypothéquer les résultats attendus.*

### ***b. Les critères de sélection***

Il existe de nombreux critères potentiels de sélection et le choix de ceux-ci dépend uniquement du produit auquel on veut aboutir. Ces critères, variés, peuvent être indirects - critères physiologiques, physiques, résistance à un pathogène...- ou directs dans le cas où l'on connaît le gène responsable et où l'on possède un marqueur spécifique qui y est associé ; quel que soit le choix du critère, la sélection modifie la fréquence des génotypes, si le caractère est effectivement héritable.

### ***c. Les différents types de sélections***

Ayant compris les bases de l'amélioration par la sélection, différents schémas, qu'il convient d'adapter en fonction des objectifs du sélectionneur et des contraintes biologiques et techniques liées à la filière et à l'organisme vivant étudié, existent. Les trois types les plus utilisés sont :

- la sélection massale ou individuelle ou phénotypique ;
- la sélection interfamiliale ;
- la sélection intrafamiliale.

Evidemment, ces trois types de sélection ne sont pas les seuls, et il existe de nombreuses variantes visant à améliorer les techniques et à optimiser l'efficacité de la sélection.

#### **\* La sélection massale ou phénotypique**

La sélection massale consiste à choisir comme reproducteur au sein d'une population dont la généalogie n'est pas connue, les individus présentant le meilleur phénotype. Ainsi, si on sélectionne les géniteurs selon leur poids, on ne retient que les plus gros.

*Remarque : L'emploi de l'expression « sélection massale » peut porter à confusion chez les non-généticistes : la sélection massale (qui est une sélection sur un groupe) ne se fait pas forcément en fonction du poids. Il est donc plus prudent de préférer l'appellation « sélection phénotypique »*

Aucune information généalogique n'étant nécessaire pour cette sélection, l'identification des individus n'est donc pas indispensable, ce qui rend inutile le marquage. En

revanche, le fait de pas suivre la généalogie peut présenter un inconvénient dans le sens où il y a un risque de croiser des animaux apparentés (frères - soeurs, par exemple). Or, l'augmentation de la consanguinité au sein d'une population accélère la perte de variabilité génétique, défavorable à l'efficacité de la sélection ultérieure, comme on le verra par la suite.

### **\* La sélection intrafamiliale**

La sélection intrafamiliale consiste à choisir comme reproducteur les meilleurs individus présentant les caractères les plus favorables au sein de chacune des familles, ceci permettant de mieux gérer la consanguinité au sein de la population sélectionnée. Elle impose d'identifier les différentes familles par un marquage adéquat.

### **\* La sélection interfamiliale**

La sélection interfamiliale est une sélection d'individus appartenant à des familles plus performantes que d'autres.

On évalue la valeur génétique de l'individu en fonction des performances de ses frères et soeurs. Ce type de sélection est donc particulièrement utile dans le cas où l'évaluation du caractère sélectionné est destructive. Par exemple, la sélection pour la résistance à un pathogène exotique impose de détruire les animaux qui ont survécu à une infection expérimentale dans une salle où tous les effluents doivent être désinfectés pour ne pas introduire le pathogène dans les élevages commerciaux. La seule possibilité de sélection consiste alors à retenir comme futur reproducteur des individus (non infectés) dont les frères et soeurs (infectés) ont démontré que leur fratrie est plus résistante que d'autres.

Cette sélection nécessite obligatoirement un marquage des familles et exige que les familles soient élevées dès la fécondation dans des conditions environnementales strictement équivalentes (alimentation, conditions physico-chimiques, densité d'élevage), ce qui nécessite une zootechnie de pointe. Elle impose aussi de produire de nombreuses familles à chaque génération pour n'en retenir qu'un faible nombre.

### **\* Les méthodes combinées**

Certaines méthodes statistiques permettent de combiner les performances individuelles et celles de chaque famille.

Ainsi, cette méthode de sélection s'avère être la plus précise mais aussi la plus difficile à mettre en oeuvre ; seule une organisation structurée peut engager un tel programme

et les coûts d'investissement et de fonctionnement de la sélection en sont donc accrus. Mais, il permet un suivi complet de tous les paramètres génétiques de la population sélectionnée. Cependant, ce type de sélection n'est pas nécessaire pour tous les objectifs d'amélioration.

#### 4. Facteurs influant sur l'efficacité de la sélection

Différents facteurs interviennent dans l'efficacité de la sélection :

- la variabilité génétique
- l'héritabilité d'un caractère
- l'intervalle de génération

##### *a. La variabilité génétique*

On peut définir la variabilité génétique comme la variabilité des performances que l'on observerait si tous les individus étaient élevés depuis leur naissance dans des conditions environnementales strictement équivalentes.

Ayant la relation  $P = G + E$ , on peut écrire en approximation  $V(P) = V(G) + V(E)$  : la variabilité globale observée est égale à la somme de la variabilité génétique et de la variabilité environnementale.

*Remarque : Si  $V(G) = 0$ , comme c'est le cas pour un clone, la sélection est inefficace.*

##### *b. L'héritabilité d'un caractère*

Un caractère ne peut être amélioré génétiquement au sein d'une population que si son héritabilité est assez forte, ce qui implique qu'il soit héréditaire et que l'environnement ne l'influence pas trop fortement.

La définition, au sens large, de l'héritabilité notée  $h^2$ , est la part de la variabilité génétique sur la variabilité globale. On note :

$$h^2 = V(G) / V(P)$$

Quelques propriétés de l'héritabilité sont intéressantes à remarquer :

- $0 < h^2 < 1$
- **l'héritabilité dépend par définition de l'environnement et de la population**

Deux nouvelles notions doivent être introduites :

- **le progrès génétique, PG**

Le progrès génétique est défini comme la différence entre la moyenne - de poids, de taille... du caractère sélectionné - de tous les individus de la génération  $n+1$ , et celle de tous les individus de la génération  $n$ .

On écrit :

$$PG \text{ ( par génération)} = \mu (G_{n+1}) - \mu (G_n)$$

Le progrès génétique reflète donc directement l'amélioration génétique : c'est cette caractéristique que l'on vise à augmenter.

- **le différentiel de sélection, DS**

Le différentiel de sélection DS est la différence entre la moyenne de la population totale de la génération  $n$  et celle de la sous-population des individus sélectionnés au sein de cette population.

On écrit :

$$DS = \mu (\text{sel. dans } G_n) - \mu (G_n)$$

On sait que **(PG) =  $h^2$  x (DS).**

$$\begin{aligned} \text{Progrès Génétique} &= \mu (G_{n+1}) - \mu (G_n) \\ &= h^2 \times [\mu (\text{sélectionnés dans } G_n) - \mu (G_n)] \end{aligned}$$

La *figure 1* permet de visualiser ces notions grâce à un exemple théorique.

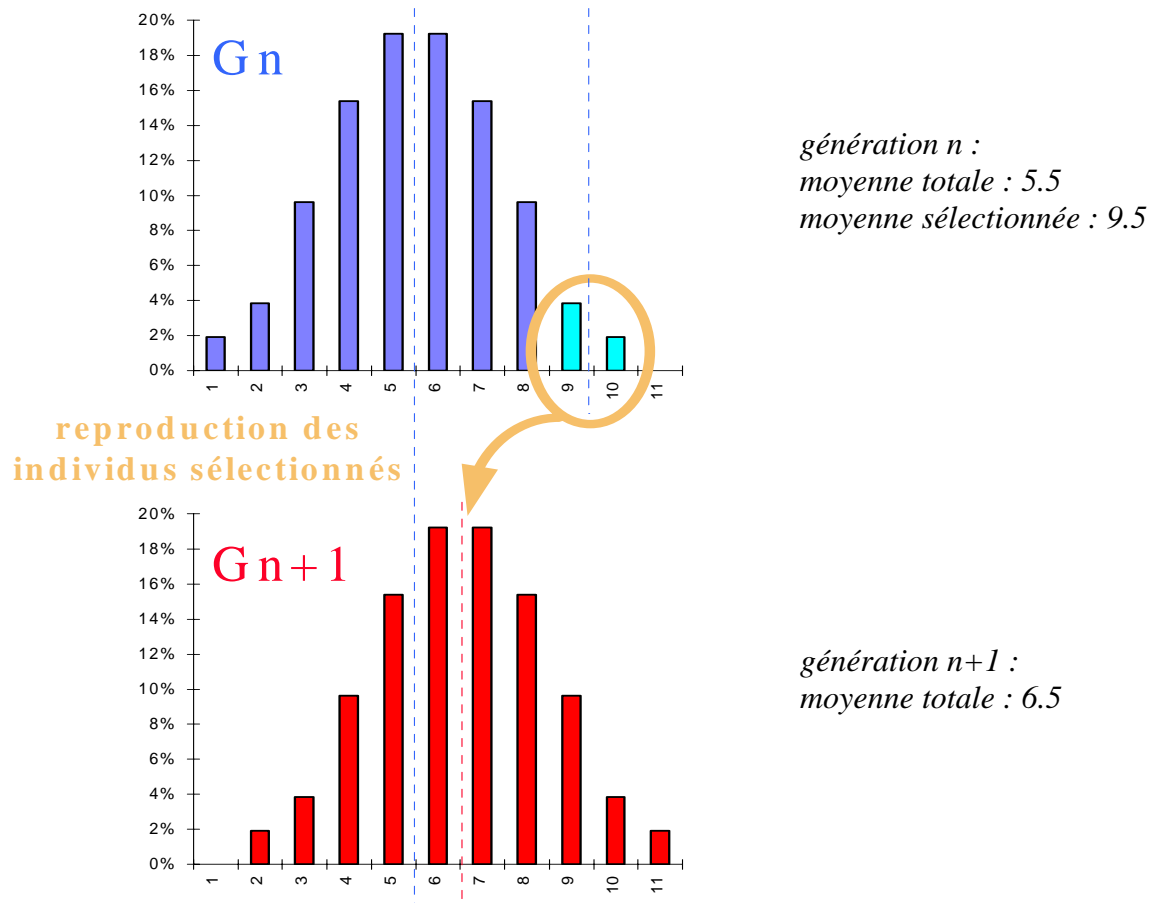


Figure 1 : Obtention du progrès génétique par sélection (d'après H. de Rochambeau, 1992, modifié)

On peut calculer avec  $PG = h^2 DS$  l'héritabilité dans cet exemple.

$$\text{Progrès Génétique} = 1 = h^2 \times (9.5 - 5.5)$$

d'où  $h^2 = 0.25$

### c. L'intervalle de générations

Du point de vue appliqué du sélectionneur, qui cherche à maximiser le progrès génétique par unité de temps, la diminution de l'intervalle entre génération est aussi importante que l'augmentation du progrès génétique par génération. Ainsi, la bonne maîtrise de la zootechnie et de la physiologie de la reproduction est indispensable à l'optimisation de tout programme de sélection.

## 5. Les contraintes des programmes de sélection



Les programmes de sélection peuvent être délicats à mener dans le mesure où de nombreux facteurs sont à prendre en compte :

- les contraintes de maintien d'une variabilité génétique et les problèmes liés à la consanguinité ;
- les problèmes de maîtrise de l'environnement et de la zootechnie qui peuvent être résolus au moins partiellement par des techniques appropriées d'identification et de marquage (marquage physique, utilisation des marqueurs moléculaires) ;
- les problèmes de mesure du caractère à sélectionner (stabilité du caractère, corrélation entre caractères) et les éventuelles interactions génotype - environnement.

## **II L'amélioration génétique dans le monde aquacole**

### **1. Au niveau mondial : poissons, huîtres et crevettes**

L'application des techniques modernes d'amélioration génétique aux productions aquacoles est assez récente et date des années 70 environ (P. Haffray, 1991). De nombreuses firmes étrangères ont mis en place des schémas performants et proposent des produits commerciaux comme AKVAFORST en Norvège, et MARINE HARVEST en Ecosse qui mènent chacune un programme de sélection généalogique du saumon atlantique *Salmo salar*. SZARVAS en Hongrie, travaille sur des croisements intersouches de carpe commune *Cyprinus carpio*, tandis que CLEAR SPRING TROUT COMPANY aux Etats-Unis a un programme privé en sélection de la truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss* (P. Haffray, 1991).

En France, depuis 1986, l'INRA a développé une procédure de sélection appelée PROSPER. Dans le cadre de la SEMII (Salmoniculture expérimentale IFREMER-INRA), l'INRA a évalué différents moyens de contrôler les nombreux effets non-génétiques dans des programmes de sélection chez les Salmonidés, la sélection massale classique chez ces derniers s'avérant très décevante. Depuis 1991, une activité spécialisée est réalisée par la section aquacole du SYSAAF dans le but d'offrir un appui technique aux aquaculteurs français et des services aux firmes professionnelles désirant développer des programmes en amélioration génétique (P. Haffray, 1996).

Ces programmes ont un tel intérêt dans l'amélioration de la productivité des élevages en aquaculture, que Daniel Chourrout (1986) présente l'amélioration génétique comme l'un des points-clés du développement de certains élevages intensifs.

### **2. A l'échelle de l'IFREMER**

Les programmes d'amélioration génétique à IFREMER sont nombreux et concernent essentiellement les espèces suivantes (*source Internet, 04/06/2000*) :

- l'huître creuse *Crassostrea gigas*,
- l'huître plate *Ostrea edulis*,
- la crevette *Penaeus stylirostris*,
- le bar *Dicentrarchus labrax*,
- le turbot *Scophthalmus maximus*.

Pour prendre quelques exemples de projets d'étude des ressources génétiques en cours à IFREMER dans le monde, les huîtres creuse ou plate sont les espèces utilisées dans un programme dont le but est de déterminer la structure et la diversité des ressources génétiques. Des populations sauvages de bars sont également étudiées dans le même objectif.

Aussi, un projet en collaboration avec des équipes australiennes vise à établir la carte génétique de *Crassostrea gigas*.

Enfin, les populations d'élevage de *Penaeus stylirostris* sont soumis à une quantification de leur diversité génétique.

Des programmes importants en amélioration et sélection de souches sont également menés dans le but d'obtenir des animaux présentant de meilleures performances de croissance et de survie, de résistance à un pathogène, et une meilleure adaptation aux conditions d'élevage que leur parents sauvages ou partiellement domestiqués.

### **3. Le programme d'amélioration génétique crevettes au Centre Océanique du Pacifique sur la *P. stylirostris***

Comme l'explique Moss (2000), l'aquaculture de crevettes doit s'inspirer des filières agricoles et en particulier de la filière avicole si elle veut faire des progrès du même ordre dans les décennies à venir (de nos jours un poulet grossit 2 fois plus vite avec 2 fois moins d'aliment qu'il y a 50 ans). Parmi les thématiques de recherche permettant d'atteindre de tels objectifs, il cite bien sûr la génétique. Le programme de génétique crevette du COP, comme d'autres programmes menés dans le monde en particulier en Australie (Coman, 2000 ; Crocos, 2000 ; Keys, 2000), suit cette logique depuis 1992.

#### ***a. La crevette *P. stylirostris* élevée au COP***

##### **\* Les Pénéides**

Plusieurs espèces de crevettes Pénéides sont exploitées dans de nombreux pays depuis plusieurs décennies. La production mondiale atteint un peu moins de 3 000 000 de tonnes dont environ 25 % sont issus de l'aquaculture.

Les pays producteurs se sont spécialisés en fonction des aires géographiques de répartition des différentes espèces. Ainsi, les pays asiatiques produisent essentiellement *P. monodon* (plus de 50% de la production mondiale), tandis que l'Amérique Centrale et du Sud produisent surtout *P. vannamei* (environ 20% de la production mondiale) et plus marginalement *P. stylirostris* (moins de 5% de la production mondiale).

Le Centre Océanologique du Pacifique a travaillé depuis 25 ans sur plus d'une dizaine d'espèces introduites à Tahiti. *P. stylirostris* a permis le développement de la petite filière de production de crevette polynésienne (environ 50 tonnes par an) et représente la clef de voûte du développement rapide de la filière aquacole calédonienne (2000 tonnes en 99, objectif 5000 tonnes d'ici quelques années) pour des raisons zootechniques, pathologiques et commerciales (*figure 2*).

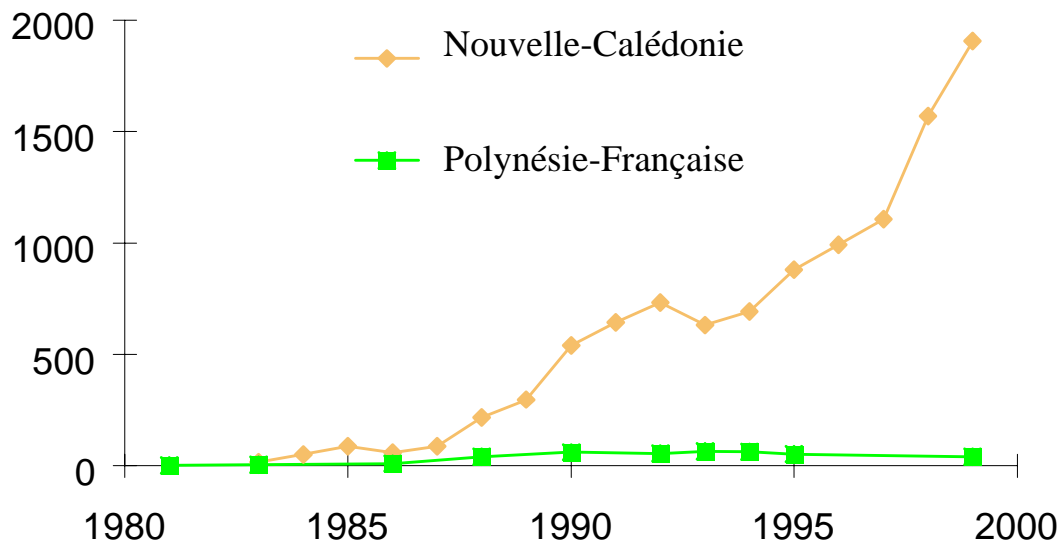


Figure 2 : Production (en tonnes) des crevettes *Pénéides* dans les principales fermes françaises au cours des 20 dernières années (d'après Goyard et al. , 2000, modifié)

#### \* Quelques mots sur la Biologie et l'élevage de *P. stylirostris* intéressant le généticien

La crevette *P. stylirostris* n'est pas une espèce indigène à Tahiti : la souche élevée à Tahiti a été importée du Mexique et du Panama il y a 20 générations.

*P. stylirostris* est une espèce à sexes séparés pour laquelle la fécondation artificielle est pratiquée en routine dans les éclosiers, et en particulier au COP. Elle permet de faire certains types de croisements raisonnés.

L'élevage après fécondation comporte plusieurs phases :

- une phase d'élevage larvaire en éclosier dans des conditions environnementales contrôlées (nombreux bassins et répliquats possibles) ;
- des phases de prégrossissement et grossissement en bassins extérieurs de grands volumes où l'environnement est peu contrôlé (difficulté de produire des répliquats).

Le marquage par injection de silicone est possible en fin de prégrossissement autour de 1g de poids moyen.

#### **b. Les différentes stratégies génétiques adoptées au COP**

Pour son programme d'amélioration génétique des crevettes *Pénéides*, le COP travaille selon les deux stratégies précédemment évoquées :

- l'exploitation des génotypes existants qui relève de la génétique des populations ;
- la création de nouveaux génotypes qui relève de la génétique quantitative.

Des actions sont menées parallèlement et ont pour objectif la mise au point de techniques et d'outils de zootechnie appliquée à la génétique, la cryoconservation, la création de variabilité génétique, la création de témoins stabilisés...

*Remarque : L'approche cytogénétique sur cette espèce a été abandonnée au COP en 1996 faute de résultats.*

### **\* Les actions en cours dans le cadre de l'exploitation des génotypes existants**

#### *~ conservatoire d'espèces*

Cette action consiste au maintien de deux souches de crevettes domestiquées depuis 10-20 générations :

*P. vannamei (originale d'Amérique comme P. stylirostris)*

*P. indicus (originale d'Asie)*

Ces souches représentent un faible intérêt pour les filières calédonienne et polynésienne qui reposent sur l'élevage de *P. stylirostris*. De plus, elles sont fortement consanguines et ne peuvent donc servir de point de départ à un programme de sélection. Leur intérêt principal réside dans le fait qu'elles constituent une vitrine technologique pour le COP sur des espèces mondialement importantes. Ces souches domestiquées du COP pourraient éventuellement intéresser un sélectionneur souhaitant les intégrer à un plan de croisement pour créer une souche composite.

Ces souches, notamment *P. indicus*, peuvent également servir à la réalisation d'un projet en cryoconservation expérimentale pour les mois à venir.

#### *~ maintien d'une souche de P.stylirostris résistante à IHHNV*

Cette souche se trouve être très intéressante de par sa résistance à un virus répandu en Amérique du Sud et Centrale, le IHHNV. Ce caractère est cependant apparu spontanément sans sélection volontaire ni savoir-faire génétique particulier.

Même si aucune application réelle n'est projetée aujourd'hui, on peut envisager des tests de résistance de la souche à d'autres pathogènes.

La commercialisation de cette souche à l'étranger ou même en Nouvelle-Calédonie, paraît difficile compte tenu des barrières sanitaires internationales si bien que l'exploitation de cette souche est incertaine.

#### *~ évaluation des caractéristiques génétiques du cheptel calédonien*

Dans l'optique du démarrage des programmes d'amélioration génétique en Nouvelle-Calédonie, cette action est indispensable.

Afin de pouvoir définir raisonnablement les opérations prioritaires à mener en Nouvelle-Calédonie et d'évaluer l'utilité de l'importation de variabilité génétique en Nouvelle-Calédonie, il est nécessaire de faire un échantillonnage des souches présentes et d'évaluer avec des marqueurs moléculaires utilisés au COP la variabilité génétique.

### **\* Les actions en cours dans le cadre de la création de nouveaux génotypes**

#### *~ sélection pour la croissance de *P. stylirostris**

Ce programme de sélection est le plus important actuellement au COP : il est présenté plus loin (§ II 2. c.).

#### *~ recherche d'autres critères de sélection*

Pour l'instant cette partie du programme rencontre des difficultés qui sont liées soit au manque de stabilité des caractères étudiés (paramètres immunitaires), soit à la mauvaise maîtrise de l'environnement qui rend illusoire toute tentative de sélection interfamiliale, qui est la seule stratégie envisageable pour la sélection pour la résistance à des pathogènes exotiques.

Le laboratoire du COP met en place actuellement en Nouvelle-Calédonie un programme d'amélioration génétique de *P. stylirostris* pour la résistance à un pathogène local, *Vibrio penaeicidae*, qui est un des facteurs favorisant l'apparition d'une pathologie baptisée le syndrome 93 en saison froide.

### **\* Les actions d'accompagnement**

Les actions d'accompagnement prévues au COP sont très diverses et visent toutes au progrès et au développement des programmes de génétique des crevettes. Aujourd'hui, cinq actions d'accompagnement sont entreprises.

\* Une recherche est menée en zootechnie appliquée à la génétique afin d'améliorer constamment la maîtrise de l'environnement.

\* Un programme de cryoconservation est en cours et permettra d'une part l'importation et la diffusion des souches, d'autre part une facilité de croisements entre souches et enfin une conservation des souches *in vitro*.

\* Un projet de sélection d'une souche à queue verte est aujourd'hui entrepris pour disposer d'une souche témoin inter-bac.

\* De nouveaux marqueurs moléculaires sont mis au point afin d'améliorer la gestion de la variabilité génétique et de contrôler les liens de parenté au sein des programmes de sélection.

\* Enfin, le COP a réalisé une importation de « sang neuf » en provenance d'Equateur, en vue de fonder une population synthétique à base génétique large, et pour créer des lignées pures exploitées par croisement et enfin pour garantir un transfert à moindre risque de sang neuf vers la Nouvelle-Calédonie.

### *c. L'action phare du COP : la sélection croissance*

#### **\* Principaux résultats**

La sélection expérimentale qui a démarré en 1992, (Bédier et al. , 1996 ; Goyard et al. , 2000) a consisté à maintenir une lignée témoin non sélectionnée et à créer une lignée améliorée en pratiquant une sélection massale par double troncature, c'est-à-dire une sélection selon le critère du poids à 2 stades différents au sein d'une même génération. Un premier tri était effectué lorsque le poids moyen avait atteint 20g, la taille commerciale, le deuxième était réalisé au moment où les géniteurs, déjà sélectionnés par le premier tri, avaient atteint le poids moyen de 50g.

Les tris étaient effectués par pesées et le pourcentage d'individus retenus a varié de 4 à 20% selon les générations.

Cette étude visait à mesurer le gain de croissance observé à la commercialisation (autour de poids moyen) en fonction de l'effet de sélection des géniteurs à la génération précédente.

L'analyse des données obtenues lors de cette expérience montre :

- 1) un progrès génétique moyen de 6% par génération (*figure 3*).
- 2) une héritabilité du caractère de 25% (*figure 4*).

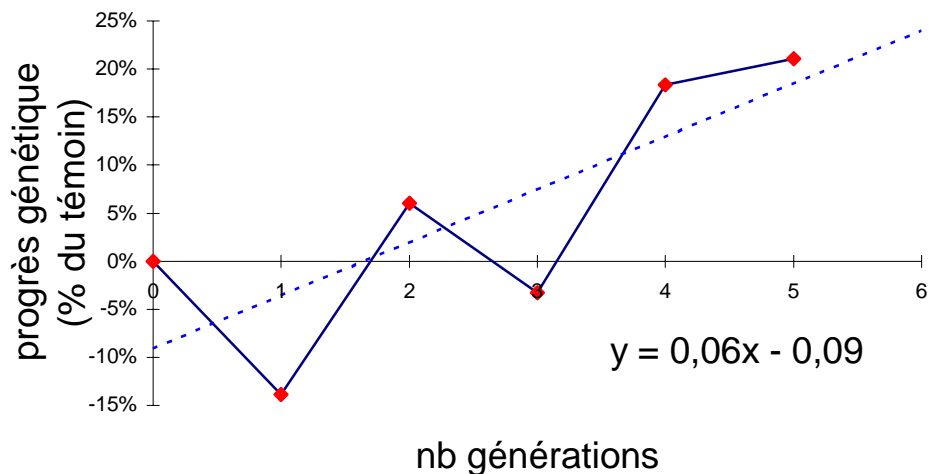


Figure 3: Progrès Génétique réalisé par génération (Goyard et al. , 2000)

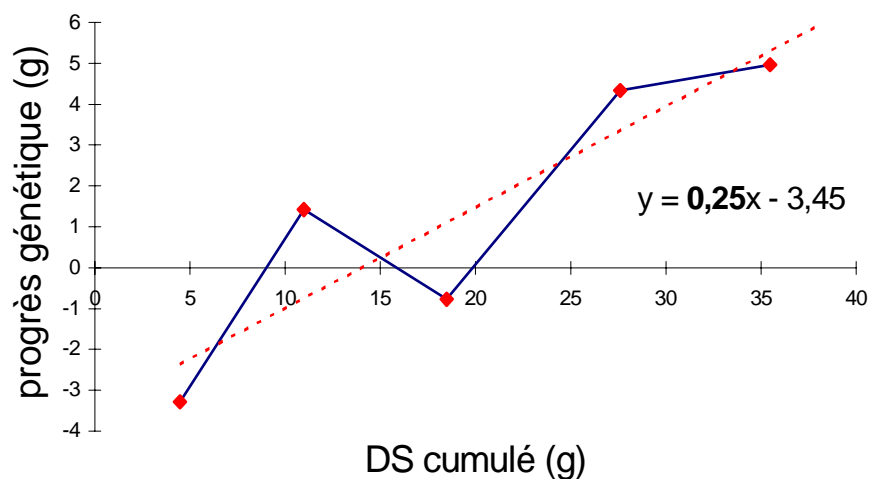


Figure 4 : Héritabilité réalisée (Goyard et al., 2000)

Du fait de ces résultats, le COP cherche à valider ce programme en Polynésie avec l'Écloserie Territoriale (EPT) et des producteurs polynésiens.

#### \* Les perspectives de recherches à la suite de ce programme

Les diverses expériences effectuées ont montré que la sélection pour la croissance est un objectif possible et réalisable pour un programme d'amélioration génétique.

Le but actuellement est donc d'optimiser cette sélection.

On sait qu'une augmentation des pressions de sélection entraîne une élévation des différentiels de sélection et donc du progrès génétique.



Afin de réduire le coût d'un tel programme tout en augmentant son efficacité, il est intéressant d'envisager une élimination précoces des animaux. Ainsi, la possibilité d'obtenir par des **tris précoces** des gains équivalents à ceux déjà obtenus devient la nouvelle orientation de la recherche. Par conséquent, 4 lignées doivent être élevées parallèlement afin d'étudier l'efficacité de ces tris précoces :

- une lignée **témoin** ;
- une lignée appelée « **ultra-précoce** », triée en sortie d'écloserie (à 0.001g environ) ;
- une lignée appelée « **précoce** », triée à la fin du prégrossissement (à 1g environ) ;
- une lignée appelée « **tardive** » triée à taille commerciale (environ 20g).

Ce programme d'amélioration génétique par sélection demande donc un système de tri rapide et efficace, le but étant de trier un maximum d'animaux et d'en retenir peu (10% ou moins). Or, la simple pesée de chaque animal étant matériellement impossible à l'échelle d'une filière de production, l'utilisation de trieurs, à maille ou à barreaux, s'avère nécessaire.

L'objectif final de ce programme est de proposer aux éclosiers de production un plan de sélection compatible avec les moyens dont elles disposent.

Ainsi, la mise au point de trieurs fiables, efficaces, pratiques se révèle indispensable si l'on veut pouvoir répondre aux exigences des producteurs. Le trieur sera un outil avantageux non seulement pour le COP mais aussi pour les éclosiers de production souhaitant intégrer une démarche génétique à leur démarche zootechnique.

## **Deuxième Partie : Etude des tris précoces en élevage de crevettes *P. stylirostris* dans un objectif de sélection génétique**

### ***I Introduction : définition de l'objectif***

On vient de voir l'intérêt que présente en amélioration génétique la mise au point d'une technique permettant de trier précocement une grande quantité d'animaux.

Une recherche bibliographique sur ASFA (avec les mots-clefs « grader » et « sortir ») a permis de mettre en évidence la rareté des références en matière de tri de crevettes.

En ce qui concerne les poissons, quelques articles rapportent des résultats de tris, la plupart du temps exprimés en pourcentage de population retenue par les trieurs et en poids moyen des sous-populations obtenues (G. M. Ludwig et N. Stone, 1997 ; F. J. Martinez-Cordero, 1990).

Or, ces résultats dépendent bien évidemment de la population triée ; Ma. H. Obregon et al. (1982) utilisent la notion de pourcentage de rétention. Ainsi, on peut définir les paramètres suivants caractéristiques d'un trieur donné :

- Le **P0** est le poids (des crevettes triées) correspondant à 0% de rétention. En fait, le P0 est la valeur limite du poids des crevettes en dessous de laquelle aucune crevette n'est retenue.
- Le **P50** (ou « poids de tri ») est le poids correspondant à 50% de rétention.
- Le **P100** est le poids correspondant à 100% de rétention, c'est-à-dire, le poids au dessus duquel tous les individus sont retenus.
- La **précision** est la demi-différence entre P0 et P100 exprimée en pourcentage du P50 soit :  
$$\frac{(P100 - P0)}{(2 P50)}$$

La *figure 5* illustre ces notions à travers les courbes caractéristiques d'un trieur idéal et d'un trieur réel.

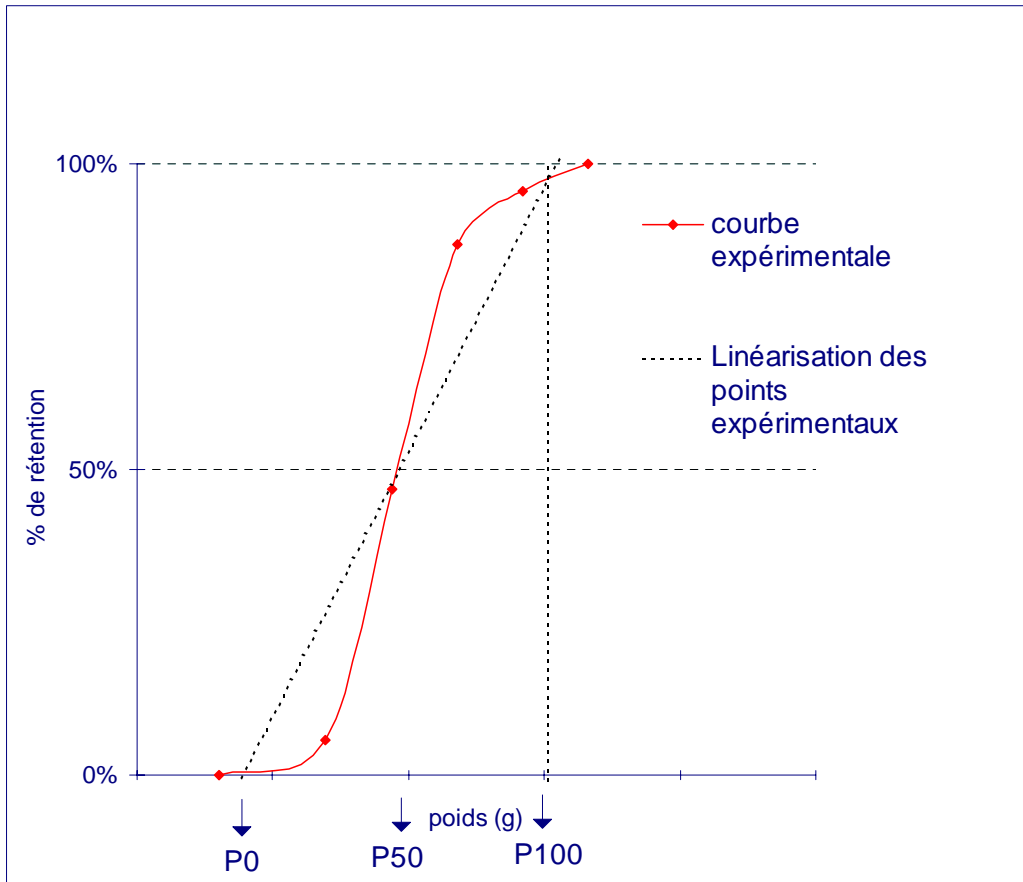
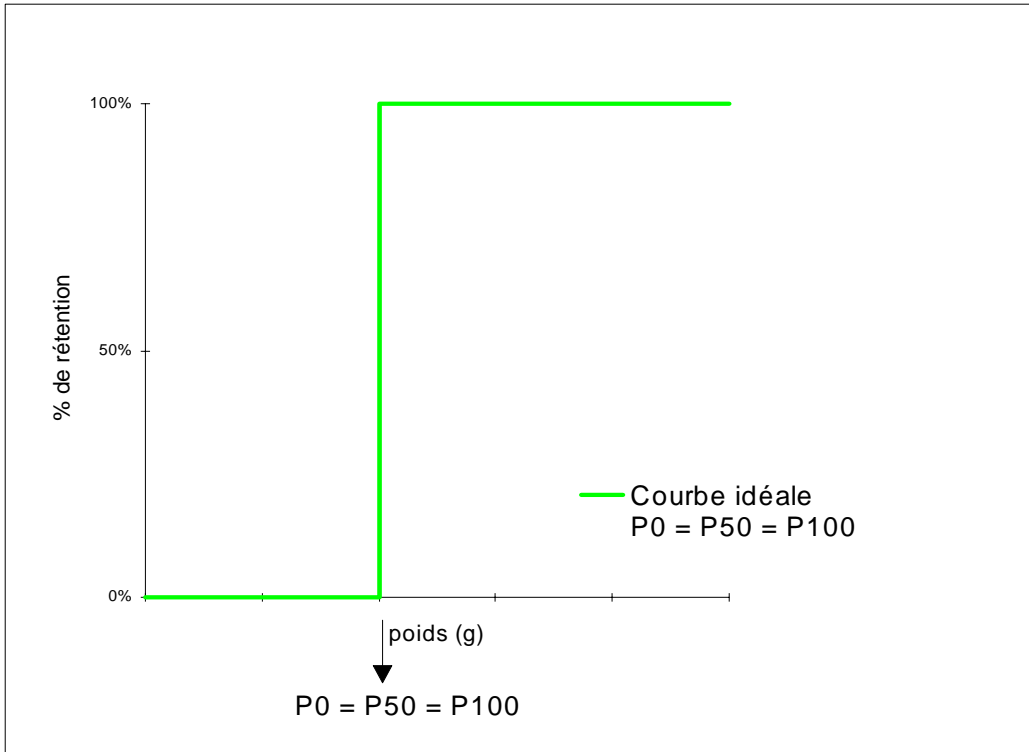


Figure 5 : Courbes de rétention idéale et expérimentale

L'objectif de ce travail sur les tris précoces des crevettes est **la détermination des caractéristiques propres à différents trieurs**, utilisables dans la croissance des jeunes crevettes par le calcul de leur P0, P50, P100 et de leur précision respectifs.

*Remarque : Dans la suite, on appelle :*

- « population », l'ensemble des individus ayant participé à un test de trieur ;
- « sous-population inférieure », le sous-ensemble des crevettes qui n'ont pas été retenues par le trieur ;
- « sous-population supérieure », le sous-ensemble des crevettes qui ont été retenues par le trieur.

## ***II Matériels et méthodes***

### **1. Matériel**

#### ***a. Les trieurs***

##### **\* Les trieurs à maille**

###### *~ description*

Les trieurs utilisés lors de ces tris étaient fabriqués à partir de maille carrée de vide de 1mm, 1.5mm et 2mm (*Photo 1, page 25*). Ces trieurs ont la forme de cylindres de maille cousue auxquels on a ajouté un fond de même vide de maille. Afin d'assurer une meilleure précision du trieur, du silicone a été appliqué au niveau des coutures, des plis, comblant alors au mieux les petites imperfections inévitables de confection, susceptibles de fausser les tris.

Les dimensions du trieur ne répondent pas à des normes strictes ; les trieurs ont été confectionnés en fonction du matériel utilisé (taille des bacs de tris...) et de l'expérience des techniciens, qui leur préféraient une taille et une forme qu'ils jugeaient plus pratiques d'utilisation.

Ainsi les dimensions des trieurs à mailles étaient adaptées aux dimensions des casques de récupération :

- la hauteur du cylindre : 30cm (pour un casque de 25cm de diamètre sur 35cm de hauteur)
- le diamètre du cylindre : 15cm (pour un casque de dimensions équivalentes)

###### *~ utilisation*

L'utilisation de ce type de trieur est tout aussi simple et pratique que sa confection. Le tri se faisant dans l'eau, les animaux ne subissent aucun stress. Le trieur est mis dans un casque de récupération (*Photo 2, page 25*), les post-larves récoltées sont déversées dans le trieur. Ainsi, les animaux se trouvant prisonniers dans ce cylindre, sortent naturellement du trieur par les bords ou le fond, dans la mesure où leur dimension le leur permettent.

Ces trieurs sont utilisés pour des tris ultra-précoces de fin d'éclosion.



*Photo 1 : Trieur à maille de 2mm*



*Photo 2 : Casque de récupération utilisé pour les tris*



*Photo 3 : Trieur à barreaux d'écartement nominal de 2.5mm*

## \* Les trieurs à barreaux

### ~ description

Les trieurs à barreaux (*Photo 3, page 25*) sont des « boîtes » dont les côtés sont en PVC soudé et dont les dimensions sont :

pour la boîte :

- la longueur : 50cm
- la largeur : 25cm
- la hauteur : 25cm.

pour la grille (fixée dans le fond de la boîte):

- la longueur : 40cm
- la largeur : 15-20cm

Le fond de ce trieur est constitué de barreaux parallèles en Plexiglas épais dont l'écartement théorique est constant. Ces valeurs théoriques d'écartement (valeurs « nominales ») étaient de 2mm, 2.5mm, 4mm, 5mm, 6mm et 7mm.

### ~ utilisation

Le trieur à barreaux est posé dans un bac à fond incliné dans lequel il est possible de récupérer les individus non retenus grâce à un casque. Les individus retenus sont regroupés après une émergence rapide, par retournement et immersion du trieur dans un second bac.

Ces trieurs à barreaux sont utilisés pour les tris « précoces », c'est-à-dire en fin de prégrossissement (autour de P30 sur des trieurs de 4mm, 5mm, 6mm, 7mm), et « ultra-précoce », en fin d'élevage d'élevage en écloserie (autour de P20 sur des trieurs de 2mm, 2.5mm). On comparera par la suite les tris sur maille de 2mm et sur barreaux de 2mm.

## ***b. La crevette P. stylirostris***

Les crevettes *P. stylirostris* sont issues de plusieurs élevages larvaires datant de 1999 et 2000. Des tris avaient en fait déjà été réalisés en 1999, mais les données étaient restées brutes et aucune étude n'avait été faite sur celles-ci.

L'essentiel des élevages larvaires a été fait au COP et les populations triées correspondent à un mélange de 8 croisements de 2x2, c'est-à-dire 2 mâles fécondant chacun 2 femelles : on considère que ces populations, qui sont donc issues de 32 géniteurs, sont représentatives des souches présentes au COP.

On a intégré au jeu de données, des essais de tris réalisés par le personnel de la station IFREMER de Nouvelle-Calédonie, sur une population d'écloserie privée avec les trieurs de 2 et 2.5mm prêtés par le COP.

## 2. Méthodes

### a. Le trieur

Quelques vérifications ont été effectuées sur les trieurs :

- Les trieurs à maille ont été contrôlés à la loupe binoculaire afin de vérifier la taille du vide de maille.
- Une trentaine de mesures de l'écartement des barreaux des trieurs ont été réalisées grâce à un pied à coulisse.

### b. Le tri

Un essai de tri sur une population donnée est réalisé de la façon suivante :

- Le pourcentage de rétention de la population est évalué par un premier essai portant sur quelques dizaines d'animaux.
- Si ce pourcentage est inférieur à 10%, on remet le tri à plus tard (s'il est supérieur à 90%, c'est trop tard).
- Si ce pourcentage est supérieur à 10%, on pêche dans le bac d'élevage suffisamment d'animaux pour que l'effectif de la sous-population la moins représentée atteigne au moins 30 animaux.

*Remarque : Cet effectif total est aussi fonction de la facilité de récupération des animaux dans les bacs d'élevage, qui diminue avec la taille compte tenu de la densité des élevages dans les bassins qui baisse avec la taille des crevettes. Au cours de cette expérience, il a varié entre 100 et 1200.*

- Chaque sous-population est dénombrée.
- Des échantillons de chaque sous-population sont prélevés, l'effectif minimum prélevé étant d'une trentaine d'individus.

*Remarque : Que les échantillons soient totaux (dans le cas, par exemple, où les individus retenus par le trieur sont peu nombreux, on conserve l'ensemble de cette sous-population) ou partiels (dans le cas où le nombre de crevettes au départ prélevées est trop important), l'effectif total de chaque sous-population doit être connu afin de connaître le pourcentage d'individus retenus ou non par le trieur.*

*Une formule est démontrée en annexe 2 pour calculer l'écart-type  $\tau$  d'une population pour laquelle on connaît la moyenne  $\mu$  et les écart-types  $\sigma'$  et  $\sigma''$  des deux sous-populations triées.*

- Les individus échantillonnés sont pesés individuellement après avoir été séchés sur du papier absorbant.



- Des doubles ou triples tris ont été réalisés dans certains cas sur une même population : un nombre important d'individus ayant été retenus par le trieur de 4mm, par exemple, on trie la population retenue par un trieur de 5mm. On obtient alors 3 sous-populations : la première contenant les individus de taille inférieure à 4mm, la deuxième, les individus de taille comprise entre 4 et 5mm et la dernière, les individus de taille supérieure à 5mm.

### *c. Traitements des données*

#### **\* Calcul du pourcentage de rétention pour chacune des 10 classes de taille de chaque sous-population**

Un fichier « standard » a été réalisé sous Excel dans lequel le poids des individus échantillonnés pour chaque sous-population triée est saisi. Cela a permis de répartir l'ensemble des individus en **10 classes de taille**, les classes étant définies par le calcul du **pas**, caractéristique de la population et du tri effectué. Le pas de la population triée correspond à la différence entre le poids maximal et le poids minimal pesés, rapporté au nombre de classes désiré.

$$\text{Pas} = (\text{Max} - \text{Min}) / 10$$

Chaque population ayant été triée en 2, 3 ou 4 sous-populations, le nombre d'individus dans chacune des 10 classes a donc été déterminé pour chaque sous-population. Ainsi, le pourcentage de rétention a été calculé pour chacune des 10 classes de taille et pour chaque trieur.

#### **\* Estimation des P0, P50, P100 pour chaque tri**

Pour chaque essai de tri, la linéarisation des pourcentages de rétention en fonction du poids moyen de chaque classe a été effectuée par régression.

On obtient donc une équation du type :  $\% = aP + b$ , qui permet donc d'estimer les P0, P50 et P100 pour chaque tri :

- $P_0 = -b / a$
- $P_{50} = (0.5 - b) / a$
- $P_{100} = (1 - b) / a$

La précision du trieur a donc pu être également calculée suivant la formule donnée en introduction.

#### *Remarques :*

- *Il est important de signaler que, par construction, le P50 est la moyenne des P0 et P100 :  $P_{50} = (P_0 + P_{100}) / 2$*

- Des histogrammes représentatifs de la population triée ont également été établis même si ils n'apportent rien à l'analyse elle-même. Ils permettent une meilleure visualisation de la répartition de la population triée et des sous-populations. On les retrouvera dans les annexes.
- Les P0, P50 et P100 sont, sur l'ensemble des résultats, exprimés en gramme.

### \* Synthèse de l'ensemble des tris sur barreaux

La moyenne et l'écart-type des P0, P50 et P100 de chaque trieur ont été calculés.

*Remarque : Les trieurs séparant les sous-populations en fonction de la largeur des crevettes, les poids de tri sont a priori une fonction puissance de l'écartement des barreaux.*

A partir des poids expérimentaux obtenus sur différentes populations, les relations suivantes ont été recherchées.

- $P_0(d) = a_0 d^{b_0}$
- $P_{50}(d) = a_{50} d^{b_{50}}$
- $P_{100}(d) = a_{100} d^{b_{100}}$

où « d » est la distance moyenne entre les barreaux d'un trieur donné.

### \* Synthèse de l'ensemble des tris sur maille

La même approche a été réalisée pour les tris sur maille.

### III Résultats

#### 1. Les trieurs

Tout d'abord, la vérification de la taille du vide de maille des trieurs à maille a révélé une bonne standardisation des mesures.

Par ailleurs, les mesures d'écartement des barreaux de chaque trieur à barreaux ont été regroupées dans le *tableau 1* :

Ecartement nominal (mm)	Ecartement réel (mm)				
	Moyenne	Ecart-type	Coefficient de variation	Min	Max
2	2,35	0,17	7%	2,04	2,95
2,5	2,66	0,11	4%	2,23	2,84
4	4,03	0,09	2%	3,87	4,22
5	4,91	0,27	5%	3,93	5,19
6	6,04	0,18	3%	5,52	5,52
7	7,44	0,29	4%	6,88	7,96

*Tableau 1 : Ecartements nominaux et réels des trieurs à barreaux*

*Remarque : Etant donné les différences entre l'écartement nominal et l'écartement réel moyen des barreaux de certains trieurs, les équations des P0, P50 et P100 dans le graphique général seront établies en fonction de l'écartement moyen réel et non de l'écartement nominal des grilles.*

#### 2. Les tris sur barreaux

##### *a. Tableau de synthèse des P0, P50, P100 et calculs de précisions*

Une quarantaine de tris ont été réalisés sur des trieurs à barreaux, sur différentes populations et à des dates différentes.

Les tris sur barreaux concernent des post-larves d'âge variant de 24 à 56 jours.

*Remarque : L'âge des crevettes utilisées pour les tris effectués en 1999 n'a pu être retrouvé.*

Les tableaux de calculs pour chaque tri de chaque sous-population se trouvent en *annexe 3* : chaque tableau regroupe l'analyse de chaque tri de chaque population.

Le *tableau 2* synthétise les résultats et donne les P0, P50 et P100 observés pour chaque trieur, ainsi que les précisions obtenues.

Ecartement nominal	Références	Age des PL	Ecartement réel	P0	P50	P100	Précision
2	1	/	2,35	0,03	0,05	0,08	42%
2	2	/	2,35	0,02	0,06	0,10	60%
2	3	/	2,35	0,01	0,04	0,07	81%
2	4	/	2,35	0,02	0,05	0,08	58%
2	5	P24	2,35	0,021	0,048	0,075	56%
2	6	P24	2,35	0,020	0,045	0,070	55%
2	7	P25	2,35	0,029	0,049	0,069	41%
2	8	P25	2,35	0,016	0,054	0,092	71%
2	9	P34	2,35	0,002	0,043	0,084	95%
			<b>Moyenne</b>	<b>0,019</b>	<b>0,050</b>	<b>0,080</b>	
			<b>Ecart-type</b>	<b>0,009</b>	<b>0,006</b>	<b>0,010</b>	
			<b>Coef.de Variation</b>	<b>49%</b>	<b>12%</b>	<b>12%</b>	
2.5	10	/	2,66	0,02	0,13	0,25	87%
2.5	11	/	2,66	0,05	0,10	0,16	50%
2.5	12	P24	2,66	0,044	0,073	0,102	40%
2.5	13	P24	2,66	0,043	0,080	0,117	46%
2.5	14	P25	2,66	0,046	0,077	0,108	41%
2.5	15	P25	2,66	0,049	0,092	0,134	46%
			<b>Moyenne</b>	<b>0,042</b>	<b>0,093</b>	<b>0,144</b>	
			<b>Ecart-type</b>	<b>0,012</b>	<b>0,023</b>	<b>0,056</b>	
			<b>Coef.de Variation</b>	<b>29%</b>	<b>25%</b>	<b>38%</b>	
4	16	/	4,03	0,02	0,37	0,73	95%
4	17	P35	4,03	0,18	0,40	0,63	55%
4	18	P35	4,03	0,11	0,32	0,54	66%
4	19	P36	4,03	0,17	0,40	0,63	57%
4	20	P36	4,03	0,17	0,35	0,52	50%
			<b>Moyenne</b>	<b>0,131</b>	<b>0,370</b>	<b>0,608</b>	
			<b>Ecart-type</b>	<b>0,069</b>	<b>0,035</b>	<b>0,085</b>	
			<b>Coef.de Variation</b>	<b>53%</b>	<b>10%</b>	<b>14%</b>	
5	21	/	4,91	0,34	0,58	0,82	42%
5	22	/	4,91	0,47	1,00	1,52	52%
5	23	/	4,91	0,37	0,83	1,29	55%
5	24	/	4,91	0,36	0,75	1,14	52%
5	25	/	4,91	0,41	0,89	1,37	54%
5	26	P35	4,91	0,33	0,63	0,93	47%
5	27	P41	4,91	0,24	0,55	0,86	57%
5	28	P42	4,91	0,35	0,70	1,04	50%
			<b>Moyenne</b>	<b>0,359</b>	<b>0,741</b>	<b>1,123</b>	
			<b>Ecart-type</b>	<b>0,068</b>	<b>0,158</b>	<b>0,255</b>	
			<b>Coef.de Variation</b>	<b>19%</b>	<b>21%</b>	<b>23%</b>	
6	29	/	6,04	0,59	1,07	1,56	45%
6	30	/	6,04	0,78	1,32	1,87	41%
6	31	/	6,04	0,71	1,27	1,83	44%
6	32	/	6,04	0,75	1,18	1,61	36%
6	33	/	6,04	0,88	1,15	1,43	24%
6	34	P41	6,04	0,71	1,02	1,34	31%
6	35	P42	6,04	0,84	1,12	1,40	25%
			<b>Moyenne</b>	<b>0,750</b>	<b>1,163</b>	<b>1,577</b>	
			<b>Ecart-type</b>	<b>0,095</b>	<b>0,107</b>	<b>0,209</b>	
			<b>Coef.de Variation</b>	<b>13%</b>	<b>9%</b>	<b>13%</b>	
7	36	/	7,44	1,80	2,29	2,78	21%
7	37	/	7,44	1,38	2,21	3,04	38%
7	38	P56	7,44	1,59	2,55	3,51	38%
7	39	P56	7,44	1,60	2,60	3,60	38%
			<b>Moyenne</b>	<b>1,594</b>	<b>2,415</b>	<b>3,236</b>	
			<b>Ecart-type</b>	<b>0,17</b>	<b>0,19</b>	<b>0,39</b>	
			<b>Coef.de Variation</b>	<b>11%</b>	<b>8%</b>	<b>12%</b>	

Tableau 2 : Synthèse des tris sur barreaux

### b. Graphique général

La figure 6 regroupant l'ensemble des données recueillies lors des tris donne les équations des courbes de tendance des P0, P50 et P100 exprimés en gramme en fonction de l'écartement d des barreaux exprimé en mm :

$$P_0(d) = 0.0014 d^{(3.44)}$$

$$P_{50}(d) = 0.0063 d^{(2.94)}$$

$$P_{100}(d) = 0.0111 d^{(2.82)}$$

Les coefficients de détermination  $R^2$  sont élevés, avec des valeurs respectives de 0.88, 0.99 et 0.98.

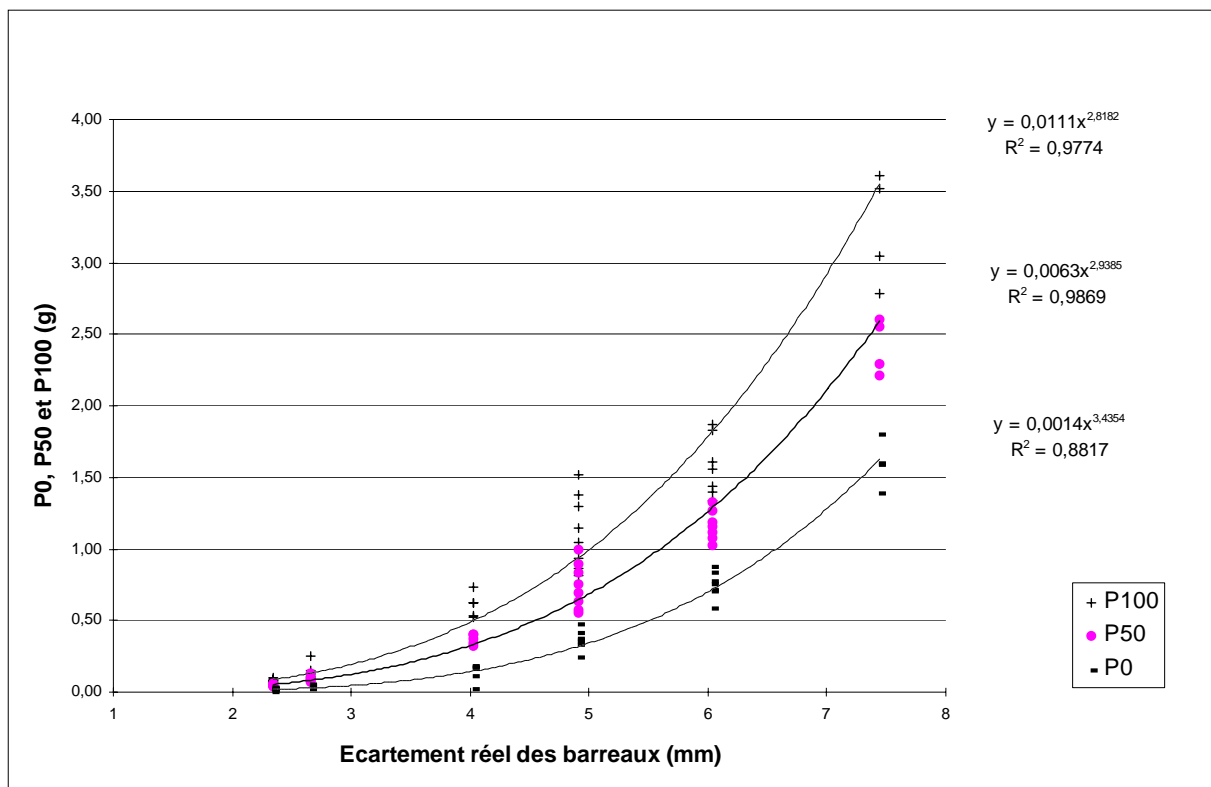


Figure 6 : Graphique général des tris sur barreaux

Ces équations permettent de calculer les P0, P50 et P100 des trieurs utilisés, regroupés dans le tableau 3 :

Ecartement nominal	Ecartement moyen	P0	P50	P100
2	2,35	0,026	0,078	0,124
2,5	2,66	0,041	0,112	0,175
4	4,03	0,169	0,379	0,565
5	4,91	0,334	0,678	0,987
6	6,04	0,681	1,246	1,769
7	7,44	1,394	2,300	3,185

Tableau 3 : Estimations des P0, P50 et P100 des tris sur barreaux

### c. Etude générale de précision des trieurs à barreaux

La figure 7 traitant de la précision des trieurs donnée dans les tableaux de synthèse fait apparaître que plus la distance entre les barreaux est importante, plus les tris sont précis.

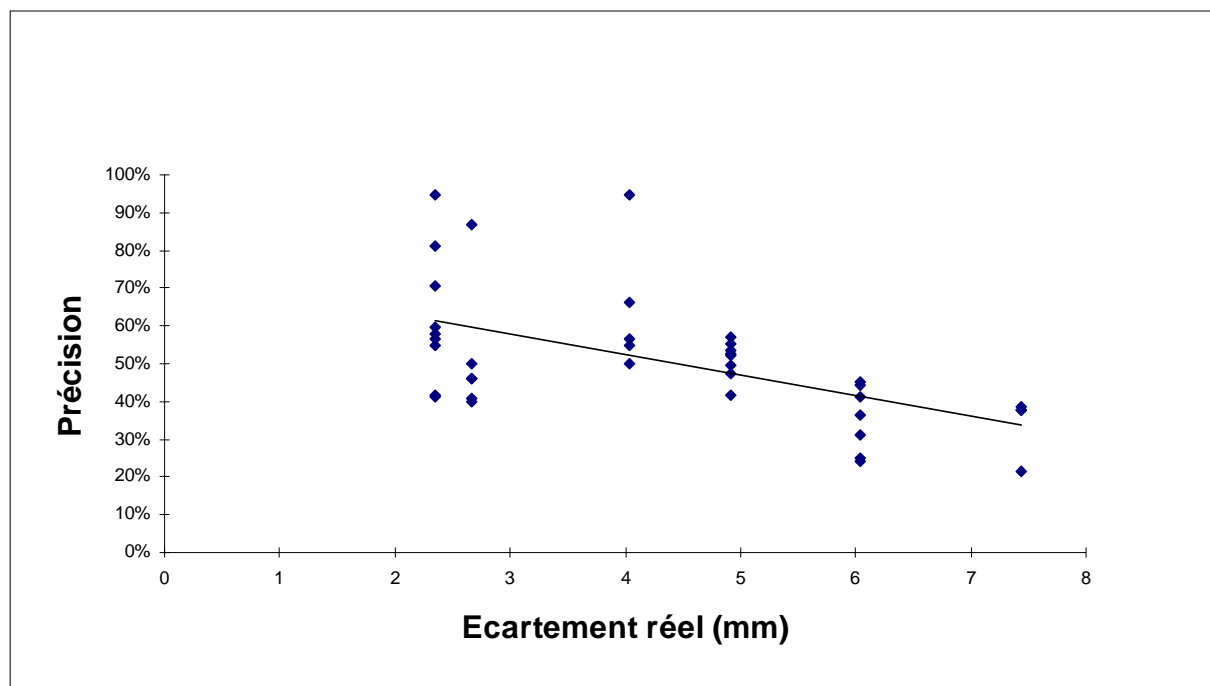


Figure 7 : Précision des trieurs en fonction de l'écartement des barreaux

### 3. Les tris sur maille

### **a. Le tri sur maille de 1mm**

Des essais de tris ultra-précoces sur maille de 1mm ont été réalisés sur des larves de 9, 13 et 15 jours : ils n'ont révélé aucune différence significative entre les sous-populations. Les résultats de ces tris sont donnés en *annexe 4*.

Il est important de noter une remarque sur le comportement des larves durant le tri : un mouvement de va-et-vient des larves, à l'intérieur puis à l'extérieur du trieur, rendait difficile l'estimation du moment de fin de tri.

### **b. Les tris sur maille de 1.5 et 2mm**

Cinq tris sur maille (au total) de 1.5mm et 2mm, ont été réalisés, à des dates différentes, sur des populations différentes, les effectifs variant de 50 à 500 individus pour les tris effectués pour le stage. Un tri effectué dans le cadre d'un renouvellement de souches a été effectué sur 30000 animaux.

Les tris sur maille de 1.5mm concernent des post-larves de 19 jours (P19).

Les tris sur maille de 2mm concernent des post-larves de 19 et 21 jours (P19 et P21).

Le *tableau 4* synthétise les résultats et donnent les P0, P50 et P100 observés pour chaque trieur, ainsi que les précisions obtenues.

Les tableaux de calculs correspondants se trouvent à l'*annexe 5*. On y retrouve toutes les caractéristiques expliquées précédemment ainsi que les histogrammes, illustrant la répartition de la population triée et non le trieur lui-même.

Maille	Références	Age des PL	P0	P50	P100	Précision
1,5	1	P19	0,001	0,003	0,005	65%
1,5	2	P19	0,001	0,003	0,005	59%
		<b>Moyenne</b>	<b>0,001</b>	<b>0,003</b>	<b>0,005</b>	
2	3	P19	0,003	0,007	0,011	64%
2	4	P19	0,004	0,008	0,011	47%
2	5	P21	0,001	0,012	0,024	91%
		<b>Moyenne</b>	<b>0,002</b>	<b>0,010</b>	<b>0,018</b>	

*Tableau 4 : Synthèse des tris sur maille*

*Remarque : Plusieurs tris sur trieurs à maille de 1.5 et 2mm de crevettes P. vannamei ont été effectués et analysés. L'étude de ces tris se trouve à l'annexe 6.*

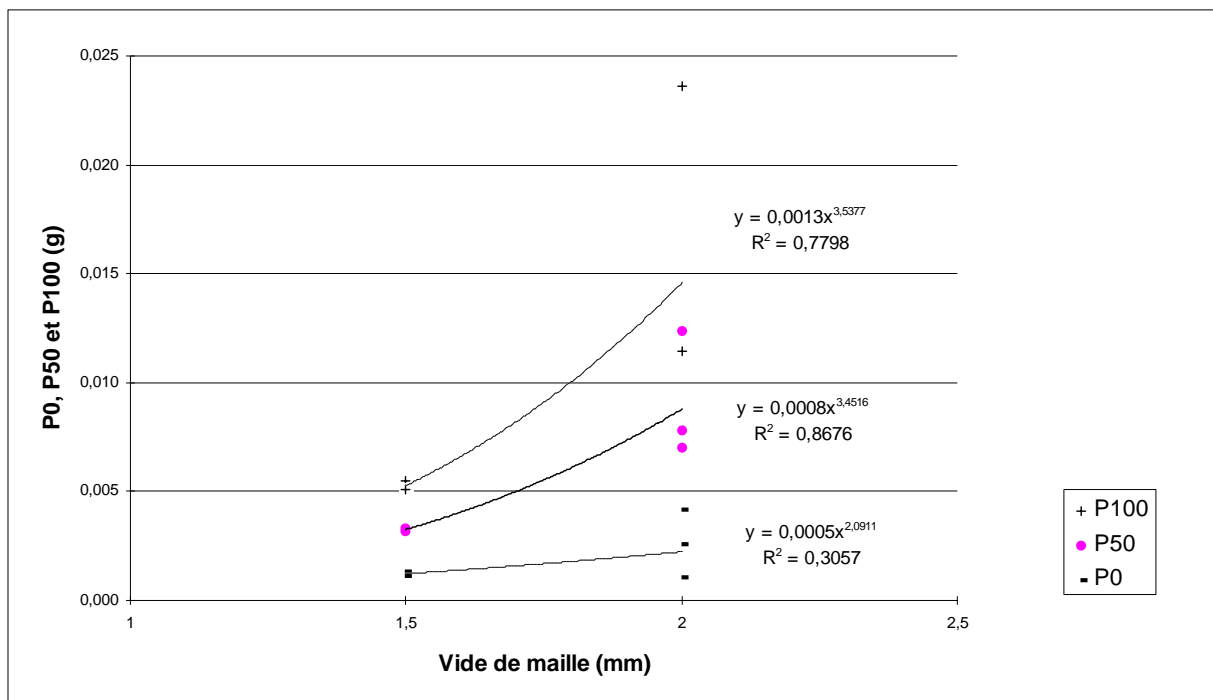
### **c. Graphique général**

La *figure 8* regroupe l'ensemble des données recueillies lors des tris et fait apparaître les équations des courbes de tendance qui donnent les P0, P50 et P100 exprimés en gramme en fonction du vide de maille exprimé en mm :

$$P_0(d) = 0.0005 d^{(2.09)}$$

$$P_{50}(d) = 0.0008 d^{(3.45)}$$

$$P_{100}(d) = 0.0013 d^{(3.54)}$$



*Figure 8 : Graphique général des tris sur maille*

Le  $R^2$  est élevé pour le P50 et le P100 ; la faiblesse du  $R^2$  pour P0 peut s'expliquer par le faible échantillon. Cependant une certaine homogénéité des tris apparaît, confirmant l'efficacité des tris ultra-précoces sur maille, de larves de *P. stylirostris*.

Ces équations permettent de calculer les P0, P50 et P100 des trieurs utilisés, regroupés dans le *tableau 5* :



Maille	P0	P50	P100
1,5	0,001	0,003	0,005
2	0,002	0,009	0,015

Tableau 5 : Estimations des P0, P50 et P100 des tris sur maille

*d. Comparaison des précisions des trieurs de 2mm, à maille et à barreaux*

Des tris de 2 mm ayant été effectués sur barreaux et sur maille, il aurait été intéressant de comparer la précision de chacun des types de trieurs.

Compte tenu de la différence d'écartement des barreaux de la grille de 2mm - qui est en fait de 2.35mm -, la comparaison ne s'avère pas assez pertinente pour être faite.

Pour mémoire, on rappelle dans le *tableau 6* les différents P0, P50 et P100 de ces deux types de trieurs.

	P0	P50	P100
<b>Maille de 2mm</b>	0,002	0,009	0,015
<b>Grille de 2mm</b>	0,026	0,078	0,124

Tableau 6 : Comparaison des P0, P50 et P100 des trieurs à maille et à barreaux, de 2mm

## IV Discussion

### 1. Observations et remarques faites au cours de la manipulation

#### a. Les mesures de l'écartement des barreaux

Les mesures effectuées sur la distance entre les barreaux des trieurs se sont avérées être très importantes dans l'analyse des données dans le sens où la modification de l'écartement nominal en écartement réel moyen a fait apparaître une différence sensible dans le calcul des P0, P50 et P100.

A titre d'exemple, le *tableau 7* fait apparaître les différences entre les P0, P50 et P100 calculés selon qu'on applique les formules de la *figure 6* à la valeur nominale ou réelle moyenne :

	P0	P50	P100
<b>Ecartement nominal de 2mm</b>	0,015	0,048	0,078
<b>Ecartement réel moyen de 2,35mm (valeur de la grille d'écartement nominal de 2mm)</b>	0,026	0,078	0,124

*Tableau 7 : Les différents P0, P50 et P100 calculés en fonction de la distance entre barreaux prise en compte pour grille de « 2mm »*

Il est donc plus prudent de faire systématiquement une vérification de la distance entre les barreaux avant l'utilisation d'un trieur commercial et le calcul des P0, P50 et P100.

#### b. La variation des P0, P50 et P100 calculés pour un même trieur

On remarque que pour un même trieur, les P0, P50 et P100 calculés ne sont pas identiques. On l'observe sur le graphique général : pour un même trieur, on obtient des P0, P50 et P100 différents à chaque tri.

Cette variabilité est la conséquence de deux facteurs :

- Le premier est le **technicien** : en effet, les tris ont été effectués par 5 techniciens différents, dont leur propre méthode, leurs savoir-faire diffèrent inévitablement. Ces différences dans la manipulation à proprement parler, sont peut-être une des causes de cette variabilité.

- Le deuxième facteur, non moins important, est la **population** triée elle-même: les tris ont été réalisés sur des échantillons tirés de différents élevages. On ne peut exclure l'hypothèse d'une variabilité morphologique d'un élevage à l'autre. Les individus présentaient inévitablement des caractères physiques différents, qui sont pour partie à l'origine de la variabilité des résultats finaux.

## 2. Fichiers d'utilisation de ces données

L'objectif de ce travail sur les tris étant atteint - on connaît désormais les caractéristiques propres à chaque trieur utilisé - il est intéressant de se doter, à l'échelle d'un centre de recherche ou même, d'une éclosion de production, d'outils informatiques facilitant l'exploitation de ces résultats.

Deux fichiers de simulation ont été mis au point sur Excel :

- Une simulation de tri d'une population réelle ;
- Une prévision du jour du tri en fonction du pourcentage souhaité d'individus retenus au sein d'une population supposée gaussienne.

### *a. La simulation de tri d'une population réelle : le fichier Simultri*

Ce fichier de simulation permet d'évaluer le pourcentage d'individus retenus d'une population à partir d'un échantillon de cette population. Cela évite ainsi de faire un tri d'essai.

Ce fichier de simulation se présente en 3 feuilles de calcul comprenant :

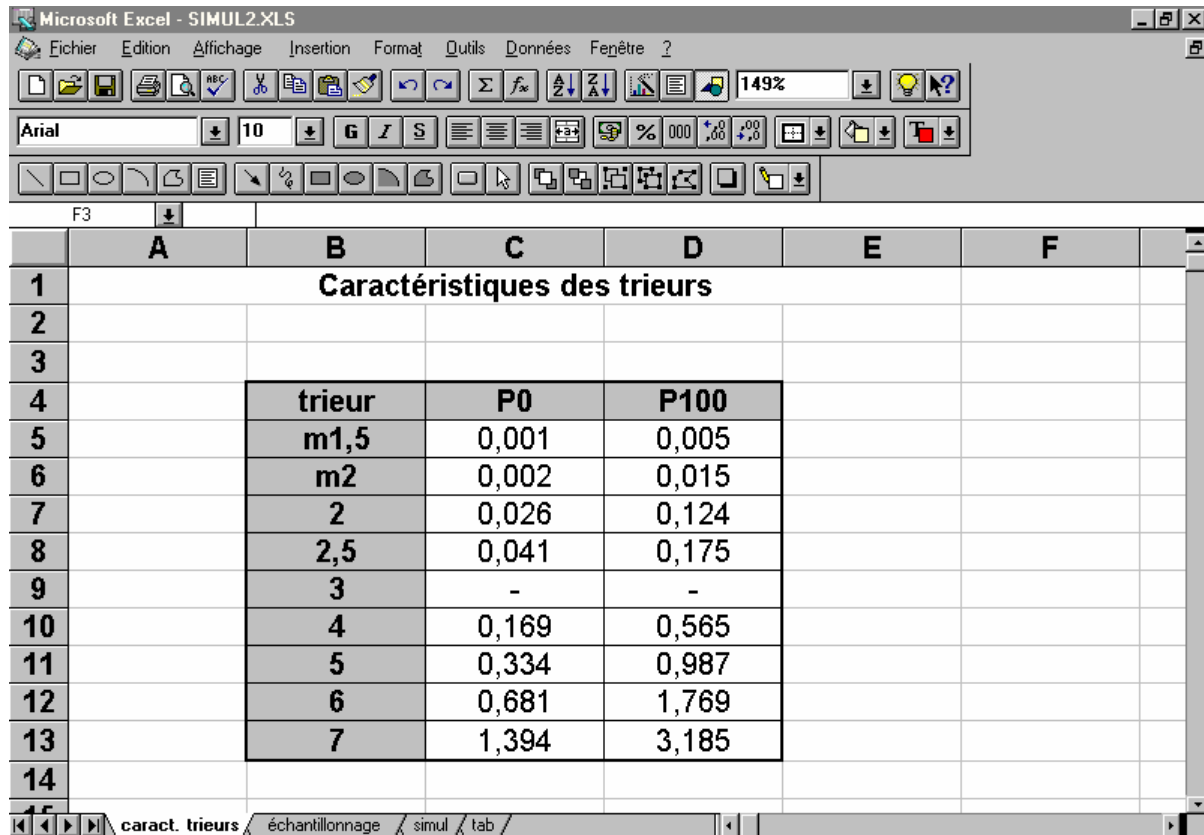
- 1) les caractéristiques des trieurs utilisés (le P0 et le P100) sur une feuille verrouillée pour consultation simple ;
- 2) les données saisies de l'échantillonnage de la population pesée et le tableau de calcul des pourcentages des individus dans un nombre de classe de tailles défini par l'utilisateur (10 classes par exemple) ;
- 3) la feuille de simulation dans laquelle on saisit l'écartement nominal de la grille et traduisant ces données en graphique et histogramme de répartition.

Une quatrième feuille, appelée « tab » contient le tableau regroupant le calcul des pourcentages des individus retenus ou non et le calcul de biomasse ; cette feuille peut simplement être consultée mais peut aussi être masquée.

L'utilisation de ce fichier est la suivante :

- Les caractéristiques P0 et P100 des trieurs utilisés sont à saisir dans la première feuille de calcul (figure 9). Il convient ensuite de la protéger.

*Remarque : Les trieurs à maille de 1.5 et 2mm sont notés dans le tableau par « m1.5 » et « m2 ». Les caractéristiques sont celles calculées à partir de l'écartement réel moyen des barreaux.*



	A	B	C	D	E	F
1	<b>Caractéristiques des trieurs</b>					
2						
3						
4		<b>trieur</b>	<b>P0</b>	<b>P100</b>		
5		<b>m1,5</b>	0,001	0,005		
6		<b>m2</b>	0,002	0,015		
7		<b>2</b>	0,026	0,124		
8		<b>2,5</b>	0,041	0,175		
9		<b>3</b>	-	-		
10		<b>4</b>	0,169	0,565		
11		<b>5</b>	0,334	0,987		
12		<b>6</b>	0,681	1,769		
13		<b>7</b>	1,394	3,185		
14						
15						

Figure 9 : La feuille des caractéristiques des trieurs dans Simultri

- Les poids de chaque individu échantillonné dans la population que l'on désire trier, doivent être saisis dans le tableau approprié de la deuxième feuille de calcul (figure 10). La population est donc répartie en un nombre de classes définie par l'utilisateur. La moyenne et l'écart-type de la population sont calculés.

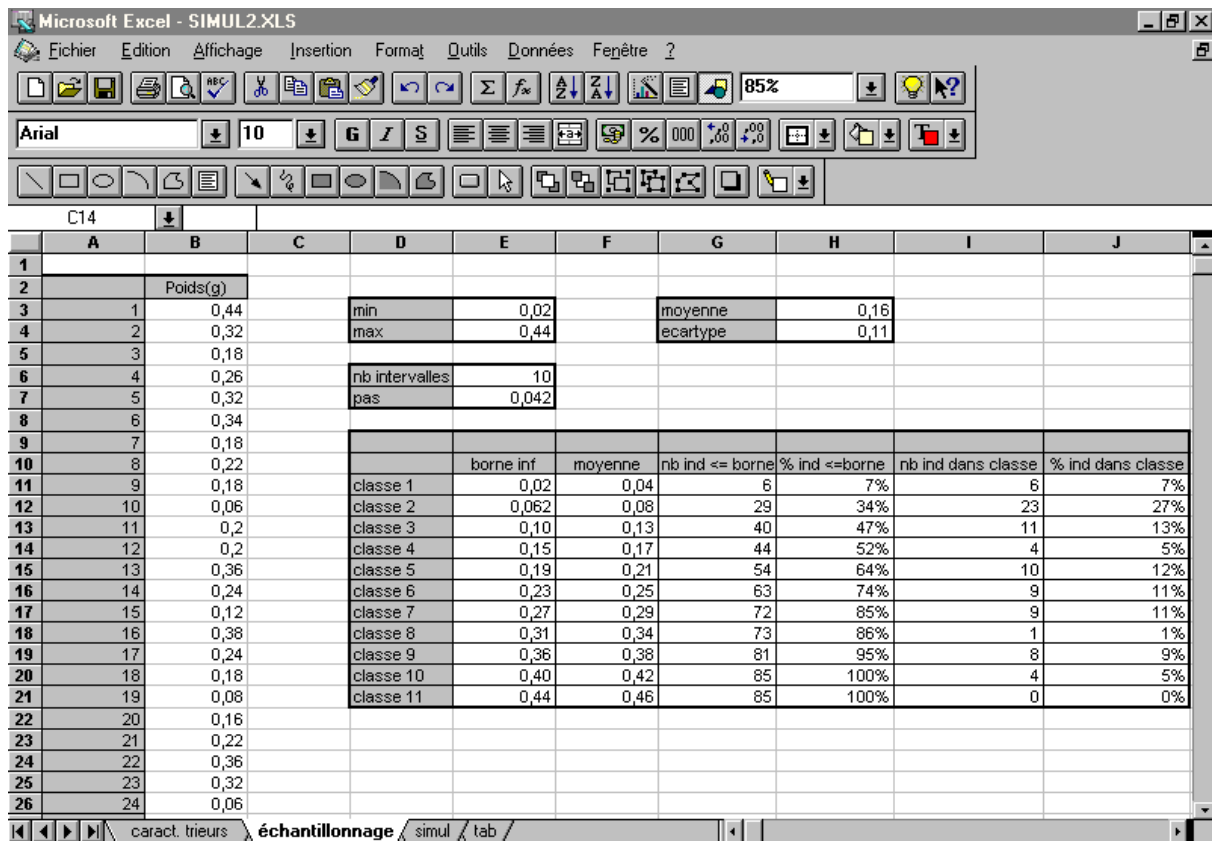


Figure 10 : L'échantillonnage dans Simultri

- Après avoir saisi la référence de la grille de tri souhaitée dans la cellule (qui fait prendre en compte les P0, P50 et P100 correspondants), la troisième feuille, nommée « simul » (figures 11a et 11b) illustre ces données par un graphique et un histogramme caractéristique de la population et le pourcentage d'individus qui seraient retenus dans de telles conditions.

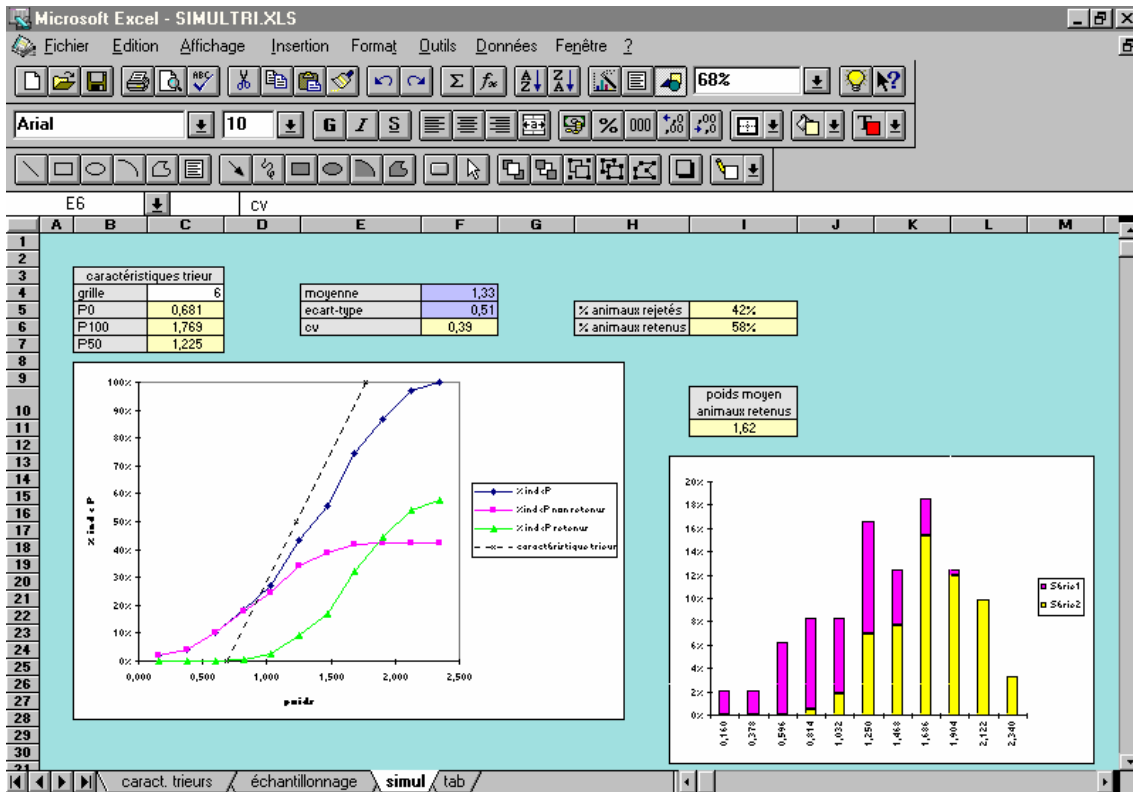


Figure 11a : Simultri utilisé sur une population avec la grille de 6mm

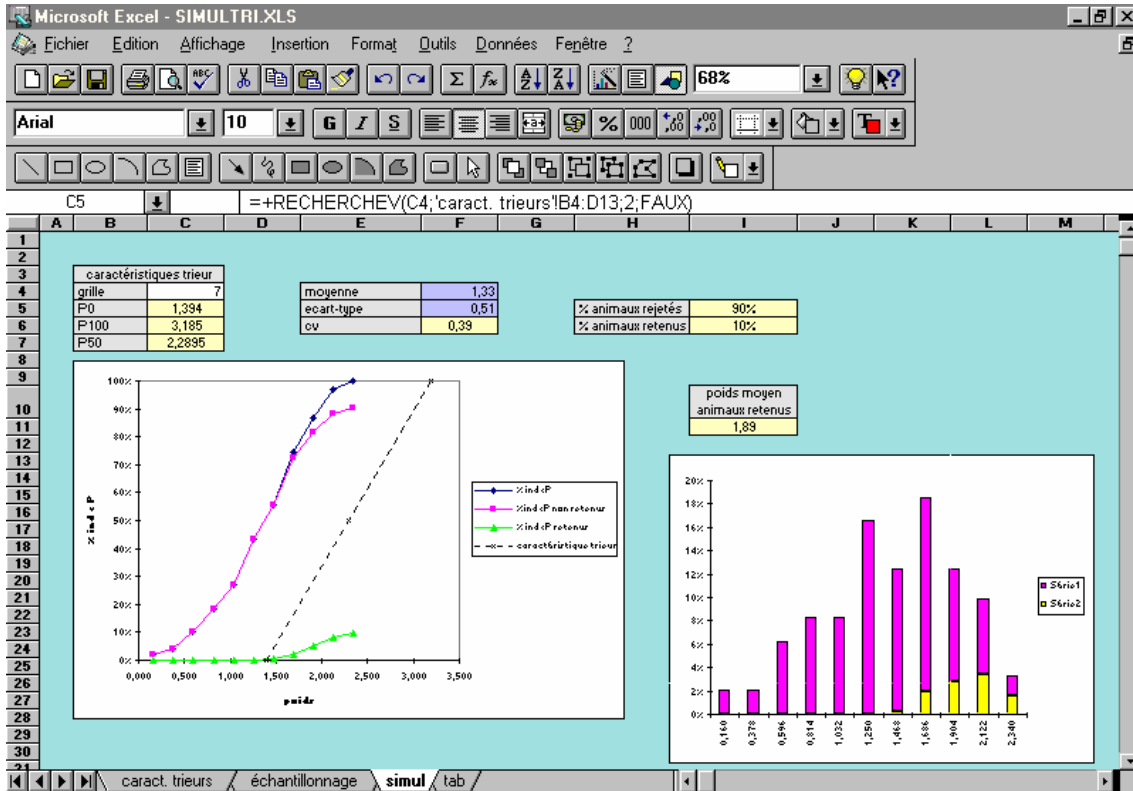


Figure 11b : Simultri utilisé sur la même population que dans la figure 11a mais avec une grille de 7mm

- Le tableau de la dernière feuille (*figure 12*) se complète automatiquement : les pourcentages des individus retenus et non retenus sont calculés.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1									poids moyen ind retenus	
2	P0	0,169	0						0,308	
3	P100	0,565	1							
4	P50	0,367	0,5							
5	% ind <P	%ind >P	Poids	% animaux de poids P retenus par le trieur	contribution à la pop non retenue par le trieur	%ind <P non retenus	% ind <P retenus	contribution biomasse ind retenus	cumul biomasse ind retenus	
6	7%	93%	0,020	0%	7%	7%	0%	0	0	
7	34%	66%	0,062	0%	27%	34%	0%	0	0	
8	47%	53%	0,104	0%	13%	47%	0%	0	0	
9	52%	48%	0,146	0%	5%	52%	0%	0	0	
10	64%	36%	0,188	5%	11%	63%	0%	0,0004713	0,0004713	
11	74%	26%	0,230	15%	10%	73%	1%	0,0022353	0,0027066	
12	85%	15%	0,272	26%	8%	81%	4%	0,0055032	0,0082098	
13	86%	14%	0,314	37%	1%	82%	4%	0,0010794	0,0092892	
14	95%	5%	0,356	47%	5%	87%	8%	0,0132169	0,0225061	
15	100%	0%	0,398	58%	2%	90%	10%	0,0093186	0,0318247	
16	100%	0%	0,440	68%	0%	90%	10%	0	0,0318247	
17										
18										
19										
20										

Figure 12 : Le tableau de calculs de Simultri

**b. La prévision du jour du tri en fonction du pourcentage souhaité d'individus retenus au sein d'une population supposée gaussienne : le fichier Simulj**

Ce fichier de simulation permet d'évaluer en fonction des caractéristiques du trieur, des caractéristiques de la population, du pourcentage souhaité d'individus retenus, le poids moyen que la population doit atteindre pour effectuer le tri.

*Remarque : Cette prévision a pour limite l'hypothèse d'une répartition gaussienne de la population et du maintien du coefficient de variation au cours de la croissance jusqu'au jour du tri. Cette simulation ne nécessite pas la saisie d'un échantillonnage de la population triée ; seules, sont nécessaires les caractéristiques (moyenne, écart-type) de la population.*

Ce fichier de simulation se présente en 2 feuilles de calcul organisées de la façon suivante :

- 1) les caractéristiques des trieurs (feuille verrouillée également) ;
- 2) la feuille de simulation traduisant ces données en un graphique et calculant le poids moyen de la population pour lequel le tri répondra à toutes les exigences posées.

Une troisième feuille, appelée « tab » contient le tableau regroupant le calcul des pourcentages des individus retenus ou non et le calcul de biomasse ; cette feuille est simplement à consulter. Elle est organisée de façon similaire au tableau de Simultri.

L'utilisation de ce fichier ne diffère que de peu de celle du fichier Simultri.

Après avoir saisi les caractéristiques des trieurs sur la feuille 1 et celles de la population sur la feuille 3, il suffit de fixer grâce à la fonction « Valeur Cible » des outils d'Excel soit le pourcentage souhaité d'individus retenus, soit la moyenne de leur poids.

La figure 13 illustre l'utilisation de ce fichier.

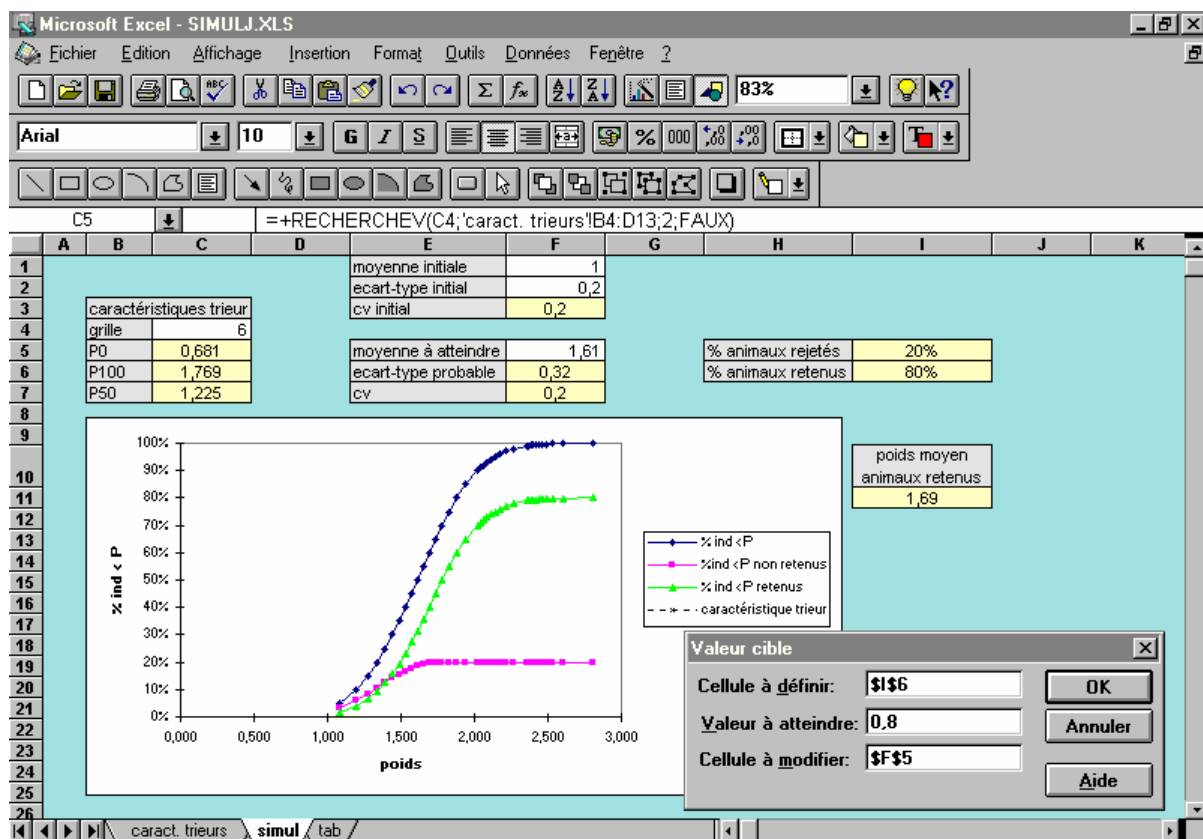


Figure 13 : Illustration du fichier Simulj

Ces deux fichiers sont donc des outils facilitant l'organisation des tris sur barreaux ou sur maille. Ils sont disponibles sur demande en écrivant à [egoyard@ifremer.fr](mailto:egoyard@ifremer.fr).



## **V Conclusion**

Ce travail sur les tris et le traitement informatique des données ont permis une mise au point de la méthode de sélection par tris sur trieurs à barreaux et à maille.

Les applications de ce travail touchent 2 domaines :

### ***- l'amélioration génétique***

Des expériences déjà réalisées au COP suggèrent l'efficacité des tris précoces en sortie d'écloserie de crevettes pour l'amélioration génétique de la croissance des crevettes.

Les trieurs étudiés dans ce travail apparaissent comme des outils utilisables en écloserie de production pour démarrer une sélection expérimentale sur le critère de croissance précoce. La facilité d'utilisation de ces trieurs rend envisageable, moyennant certaines précautions, une sélection intégrée aux écloseries de production, en particulier celles de Nouvelle-Calédonie.

Des tris avaient d'ailleurs été effectués sur barreaux en janvier 2000 dans une écloserie de Nouvelle-Calédonie en collaboration avec l'IFREMER. De plus, les tris sur maille permettent la réalisation de tris plus précoces (il est possible de trier à P19 environ) que ceux sur barreaux (avec lesquels le tri ne peut se faire qu'à P25 minimum) ; on peut ainsi gagner 6 jours d'élevage et ensemercer les bassins de géniteurs plus tôt. Ceci ouvre des perspectives intéressantes aux 3 écloseries de production de Nouvelle-Calédonie dans la mesure où elles souhaitent développer un effort de recherche et développement à faible coût dans le domaine de l'amélioration génétique. Cependant, ces perspectives attractives ne présagent pas de l'héritabilité de la croissance à P19 plutôt qu'à P25 ; elle devra être contrôlée dans le cadre d'une expérience en collaboration avec l'IFREMER.

### ***- la zootechnie de grossissement***

Au-delà de l'intérêt des trieurs dans le cadre d'un programme d'amélioration génétique de la croissance des crevettes, on peut se demander si l'usage des trieurs en sortie d'élevage larvaire ou de nurserie ne permettrait pas d'homogénéiser les lots vendus par les écloseries commerciales comme cela se pratique dans les filières de production de poissons (P. Haffray, 1991) et donc d'optimiser le grossissement dans les fermes. La réalisation de ces tris précoces réduirait peut-être le cannibalisme dans les bassins de grossissement.

Une manipulation pourrait être envisagée pour l'avenir. Le but serait d'évaluer le gain de croissance lié à l'homogénéisation des lots en sortie d'écloserie. Il faudrait pour cela, diviser en 2 chaque lot en sortie d'écloserie, en élever un non trié, trier le second et élever séparément les 2 sous-populations obtenues (on aurait trois bassins pour l'expérience). Certes, la variabilité environnementale inter-bassin pourrait poser un problème, mais on peut envisager de multiplier l'expérience afin de pouvoir mettre en évidence une différence ou une tendance.

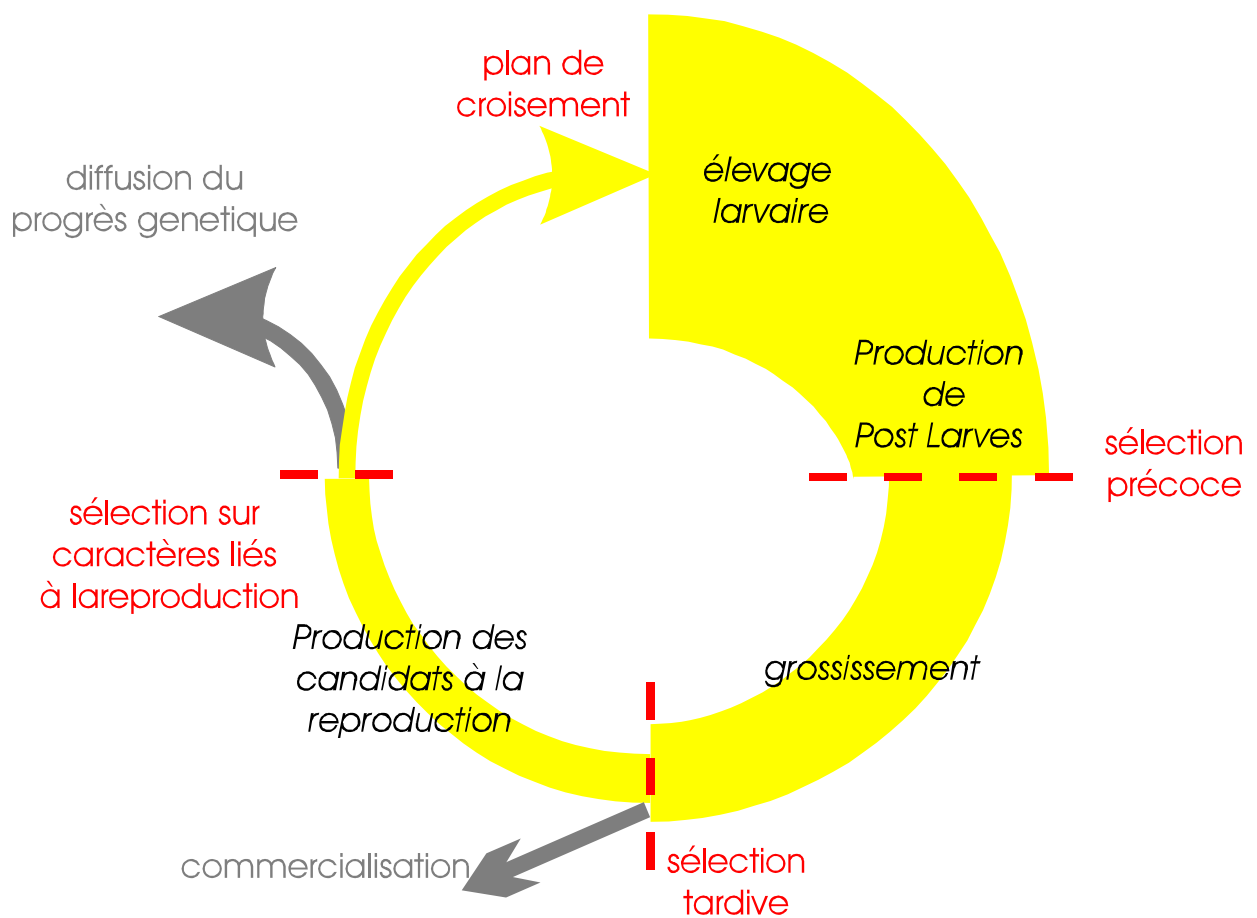
## Annexes

---

- Annexe 1*    **Schéma complet du cycle de sélection**
- Annexe 2*    **Formule permettant de calculer l'écart-type d'une variable au sein d'une population échantillonnée en 2 strates**
- Annexe 3*    **Etude et résultats graphiques des tris sur barreaux**
- Annexe 4*    **Etude et résultats graphiques des tris sur maille de 1mm**
- Annexe 5*    **Etude et résultats graphiques des tris sur maille**
- Annexe 6*    **Etude et résultats graphiques des tris sur maille de 1.5 et 2mm de *P. vanna***

*Annexe 1 :*  
**Schéma complet du cycle de sélection**  
(schéma de E. Goyard modifié)

---



*Annexe 2 :*  
**Formule permettant de calculer l'écart-type d'une variable au sein d'une population échantillonnée en 2 strates d'une population**

---

**La formulation du problème** est :

Soit une population P de moyenne  $\mu$  (X)  
- d'écart type  $\sigma$  (X)  
- d'effectif n (X)

Elle est divisée (par exemple par un tri) en 2 sous-populations P<sub>1</sub> et P<sub>2</sub> :  
- de moyennes respectives  $\mu_1$  et  $\mu_2$   
- d'écart-types respectifs  $\sigma_1$  et  $\sigma_2$   
- d'effectifs respectifs  $n_1$  et  $n_2$

On a les relations suivantes :

$$n = n_1 + n_2$$
$$\mu = (\mu_1 \cdot n_1 + \mu_2 \cdot n_2) / (n_1 + n_2)$$

On démontre l'égalité ci-dessous :

$$\sigma = \sqrt{\frac{n_1 \times [\sigma^2_1 + (\mu_1 - \mu)^2] + n_2 \times [\sigma^2_2 + (\mu_2 - \mu)^2]}{n}}$$

*Remarque : Lors des tris, on effectue classiquement un comptage et un échantillonnage après tri dans chacune des deux sous-populations pour obtenir  $\mu_1$ ,  $\mu_2$ ,  $\sigma_1$ ,  $\sigma_2$ ,  $n_1$  et  $n_2$ . Or, en génétique quantitative, le calcul de l'héritabilité fait appel au différentiel de sélection (soit  $DS = \mu_2 - \mu$ ), qu'on rapporte en général en unité d'écart-type de la population totale (soit  $(\mu_2 - \mu) / \sigma$ ). D'où, l'intérêt de cette formule.*

**La démonstration** est à la page suivante :

Soit V la variance de la population totale :

$$V = \sum_1^n \left[ \frac{(X - \mu)^2}{n} \right]$$

soit

$$V = \frac{1}{n} \times \sum [(X - \mu)^2]$$

On peut écrire :

$$V = \frac{1}{n} \times \sum_1^{n_1} [((X - \mu_1) + (\mu_1 - \mu))^2] + \frac{1}{n} \times \sum_1^{n_2} [((X - \mu_2) + (\mu_2 - \mu))^2]$$

Après développement, on obtient :

$$V = \frac{1}{n} \times \sum_1^{n_1} [(X - \mu_1)^2 + 2(X - \mu_1)(\mu_1 - \mu) + (\mu_1 - \mu)^2] + \\ \frac{1}{n} \times \sum_1^{n_2} [(X - \mu_2)^2 + 2(X - \mu_2)(\mu_2 - \mu) + (\mu_2 - \mu)^2]$$

Par définition,  $V_1 = \sum_1^{n_1} \left[ \frac{(X - \mu_1)^2}{n} \right]$  et  $V_2 = \sum_1^{n_2} \left[ \frac{(X - \mu_2)^2}{n} \right]$ , on peut donc simplifier et écrire :

$$V = \frac{n_1}{n} \times V_1 + \frac{2(\mu_1 - \mu)}{n} \times \sum_1^{n_1} [X - \mu_1] + \frac{n_1}{n} \times (\mu_1 - \mu)^2 + \\ \frac{n_2}{n} \times V_2 + \frac{2(\mu_2 - \mu)}{n} \times \sum_1^{n_2} [X - \mu_2] + \frac{n_2}{n} \times (\mu_2 - \mu)^2$$

Or  $\sum_1^{n_1} [X - \mu_1] = 0$  et  $\sum_1^{n_2} [X - \mu_2] = 0$ ,

Donc

$$V = \frac{n_1 V_1 + n_2 V_2}{n} + \frac{n_1 (\mu_1 - \mu)^2 + n_2 (\mu_2 - \mu)^2}{n}$$

Or  $\sigma = \sqrt{V}$

Donc

$$\sigma = \sqrt{\frac{n_1 \times [\sigma^2_1 + (\mu_1 - \mu)^2] + n_2 \times [\sigma^2_2 + (\mu_2 - \mu)^2]}{n}}$$

**CQFD**

**Annexe 3 :**  
**Etude et résultats graphiques des tris sur barreaux**

---

Les en-têtes qui apparaissent sur les feuilles suivantes de l'*annexe 3*, correspondent à des références de fichiers utilisés dans le traitement des données. Le tableau ci-dessous donne la correspondance avec les références utilisées dans le *tableau 2* du présent rapport.

<b>Grille</b>	<b>Références Tableau 2</b>	<b>Références Annexe 5</b>
2	1	Ph121
2	2	Ph125
2	3	B10EL9
2	4	B162
2	5	De5 1704 1
2	6	De5 1704 2
2	7	De6 1804 1
2	8	De6 1804 2
2	9	De7 2604
2.5	10	Ph125
2.5	11	Ph128
2.5	12	De5 1704 1
2.5	13	De5 1704 2
2.5	14	De6 1804 1
2.5	15	De6 1804 2
4	16	Bi1tot
4	17	De8 2704 2
4	18	De8 2704 3
4	19	De9 2804 1
4	20	De9 2804 2
5	21	Bi1tot
5	22	Bi2tot
5	23	Bi4mod
5	24	Bi5mod
5	25	B1619
5	26	De8 2704 1
5	27	De10 305
5	28	De11 405
6	29	Bi1tot
6	30	Bi2tot
6	31	Bi4mod
6	32	Bi5mod
6	33	B1619
6	34	De10 305
6	35	De11 405
7	36	B13mod2
7	37	B13mod
7	38	De12 1805
7	39	De12 1806

***Annexe 4 :***  
**Étude et résultats graphiques des tris sur maille de 1mm**

---

Les en-têtes qui apparaissent sur les feuilles suivantes de l'*annexe 4*, correspondent à des références de fichiers utilisés dans le traitement des données.

**Annexe 5 :**  
**Etude et résultats graphiques des tris sur maille**

---

Les en-têtes qui apparaissent sur les feuilles suivantes de l'*annexe 5*, correspondent à des références de fichiers utilisés dans le traitement des données. Le tableau ci-dessous donne la correspondance avec les références utilisées dans le *tableau 4* du présent rapport.

<b>Maille</b>	<b>Références Tableau 4</b>	<b>Références Annexe 7</b>
<b>1.5</b>	<i>1</i>	De1 604
<b>1.5</b>	<i>2</i>	De2 604
<b>2</b>	<i>3</i>	De1 604
<b>2</b>	<i>4</i>	De2 604
<b>2</b>	<i>5</i>	De3 1304



***Annexe 6 :***  
**Etude et résultats graphiques des tris sur maille de 1.5 et 2mm de *P. vanna***

---

Les en-têtes qui apparaissent sur les feuilles suivantes de l'*annexe 6*, correspondent à des références de fichiers utilisés dans le traitement des données.

## Références bibliographiques

---

**BEDIER E. , J. PATROIS and AQUACOP**, 1996. Genetic enhancement of the *Penaeus stylirostris* Aquacop SPR43 strain. Divergent selection for growth : preliminary results. In *Book of Abstracts, SICPPS, SEAFDEC/AQD, Iloilo City, Philippines, May 1996* : p 60.

**CHOURROUT D. et al.** , 1986. L'Amélioration Génétique des Poissons, La Recherche n°180.

**COMAN G. J. et al.** , 2000. Effect of the Interaction of Genotype and Environment on the Survival and Growth of the Kuruma Shrimp *Penaeus japonicus*, European Aquaculture Society Special Publication n°28.

**CROCOS P. et al.** , 2000. Comparative Reproductive Performance of Wild and Domesticated Broodstock of Farmed Shrimp, *Penaeus japonicus and P. monodon*, in Australia, European Aquaculture Society Special Publication n°28.

**GOYARD E., J. Patrois, J.M. Peignon, V. Vanaa, R. Dufour, E. Bedier**, 2000. Selection for better growth of *Penaeus stylirostris* in Tahiti and New Caledonia. In *Book of abstract, International Symposium for Genetics in Aquaculture, Townsville, Australie, 15-22/07/2000*.

**HAFFRAY P.** , 1996. L'Amélioration génétique des animaux domestiqués en France, Catalogue Technique de l'Aquaculture 1996, SYSAAF.

**HAFFRAY P.** , 1991. Amélioration Génétique en Aquaculture, Aqua Revue n°38, SYSAAF.

**HAFFRAY P.** , 1996. L'Amélioration génétique des élevages aquacoles français, Catalogue Technique de l'Aquaculture 1996, SYSAAF.

**KEYS S. J.** , 2000. Assessment of the Potential of an Additional Shrimp Species (*Penaeus esculentus*) for Commercial Production in Australia, European Aquaculture Society Special Publication n°28.

**LUDWIG G. M. and N. STONE**, 1997. Relation Between Bar Grader Spacing and Golden Shiner Size, *The Progressive Fish Culturist*, vol. 59.

**MARTINEZ-CORDERO F. J. and al.** , 1990. Determination of morphometric parameters in the Mexican majarra, *Cichlasoma urophthalmus* (Günther), for the design and construction of box graders, *Aquaculture and Fisheries Management*, vol. 21.

**MOSS S. M.** , 2000. Surf and Turf : A Comparison Between an Emerging Shrimp Farming Industry and an Existing Poultry Industry European, Aquaculture Society Special Publication n°28.

**OBREGON Ma. H. and al.** , 1982. Selectividad en viveros Seleccionadores, *Rev. Cub. Inv Pesq*, vol. 7.

**ROCHAMBEAU (De) H.** , 1992. Le progrès génétique et sa réalisation dans les expériences de sélection, *Eléments de Génétique Quantitative et Application aux Populations Animales*, INRA.

## Résumé

---

L'optimisation des schémas d'amélioration génétique de la croissance de *Penaeus stylirostris*, passe nécessairement par la mise au point des techniques de tri rapide et facile à mettre en oeuvre par les acteurs de la filière.

Ce travail montre que les trieurs à barreaux ou à maille sont des outils adaptés à une sélection précoce en sortie d'écloserie, dans la mesure où la croissance précoce s'avèrerait héritable.

Les tris expérimentaux ont permis d'établir les formules permettant de calculer les poids de tris en fonction des dimensions des trieurs. Les trieurs à maille qui permettent de trier les crevettes dès PL19 ouvrent des perspectives intéressantes pour intégrer une démarche de sélection expérimentale au sein des écloséries de production.

## Abstract

---

Schemes optimisation for genetic improvement for growth of *Penaeus stylirostris* requires the development of technologies for grading shrimps easily.

This work shows that bar and mesh graders are very suitable for early selection at post-larval stages, as long as early growth is heritable.

Experimental data sets lead to the equations which give the grading weight as a function of the dimensions of the graders.

Mesh graders which allow an earlier selection than bar graders (PL19 instead of PL25) open a new way to implement experimental selection into production hatcheries.

## Haapotoraa

---

Te haerea i te rahi o te mau hōhōa tumu no te haamaitai i te faarahiraa i te « *Penaeus stylirostris* », e mea tītauhia ia na roto i te faaāfaroraa te tātūhaaraa òiòì e te òhie a te mau feià tamata-maoro-hia.

Te faaite nei teie mau òhipa i te mau taata maiti āua aore rà òmata e mau tauhaa ia e tano no te hoē faataaraa òiòì ia patà mai te huero, ia tano ihoà ra to na tupuraa òiòì e te faufaa atoà.

Ua ravehia te mau tātūhaaraa àravihi o te mau taaraa parau no te nūmeraraa i te fāito o te mau faataaraa ia au i te àano o te taata faataa. Te mau faaraataa òmata tei vaiihohia no te faataa i te oura pape mai te fāito PL 19 tei matara i nià i te mau hiòraa faufaa no te faaōraa atu i roto i te tereraa o te faataaraa paari na roto i te ôfaaraa o te mau hotu.