



# Fragmentation des populations naturelles d'Ostrea edulis : une adaptation locale de l'huître plate européenne ?

Estelle Harrang<sup>1</sup>, Nicolas Bierne<sup>2</sup>, Serge Heurtebise<sup>1</sup>, Benjamin Morga<sup>1</sup>, Sylvie Lapègue<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Ifremer, Laboratoire de génétique et pathologie, avenue de Mus de Loup 17390 La Tremblade  
<sup>2</sup> ISEM, Département Biologie Intégrative, 1 quai de la daurade 34200 Sète

## 1° Introduction

En Europe, la production ostréicole était florissante jusqu'à la fin des années 1960, avant que 2 maladies parasitaires, la marteliose (1969) et la bonamiose (1979), ne déciment successivement les bancs naturels de l'espèce endémique d'huître, l'huître plate européenne (*Ostrea edulis* L.). La descente des parcs à huîtres en zone subtidale a permis de lutter contre la marteliose. Mais pour la bonamiose, aucune solution écologique n'a été trouvée. Pourtant, il semblerait qu'*O. edulis* parvienne à se maintenir de façon localisée, laissant penser à des phénomènes d'adaptation locale de l'huître vis à vis de son environnement biotique et abiotique.

## 2° Structuration des populations européennes de l'huître plate

Résultats de plusieurs études de diversité génétique réalisées, au moyen de marqueurs moléculaires, sur des populations naturelles d'*O. edulis* :

**Étude avec 16 Allozymes** (Saavedra *et al.* 1993, 1995)

Arginine Kinase : allozyme « outlier »

Cline de fréquence des allèles 100 (en noir) et 205 (en blanc) de l'Arginine Kinase, du nord au sud de l'Atlantique et de l'ouest à l'est de la Méditerranée [F<sub>ST</sub> = 0,289\*\*\*].

► Une trace de sélection ?

**Étude avec 5 marqueurs Microsatellites** (Launey *et al.* 2002)

**Étude avec un marqueur Mitochondrial : 12S-rRNA** (Diaz-Almela *et al.* 2004)

Arbre Neighbor-joining basé sur les distances génétiques de Reynolds (données d'après Saavedra *et al.* 1995, graphe modifié à partir de Launey *et al.* 2002).

Arbre Neighbor-joining basé sur les distances génétiques de Reynolds (Launey *et al.* 2002).

Arbre Neighbor-joining basé sur les distances génétiques de Reynolds (adapté à partir de Diaz-Almela *et al.* 2004).

### Structuration Atlantique/Méditerranée selon un modèle d'isolement par la distance

Explication du nom des populations : A : Atlantique ; BS : Mer Noire ; M : Méditerranée ; N : Nord ; S : Sud ; E : Est ; W : Ouest.

## 3° Nouvelle étude

**Objectif : Identifier de potentielles traces de sélection et d'adaptation locale.**

Échantillonnage de 7 populations naturelles d'*O. edulis*, isolées géographiquement, à travers l'aire de distribution de l'espèce

Étude de la diversité génétique via le séquençage ou le génotypage de 4 types de marqueurs moléculaires

**Aire de distribution de l'huître plate européenne *O. edulis*, et points d'échantillonnage de cette étude**

- Aire de distribution de *O. edulis*
- Points d'échantillonnage
- Regroupement de 2 sites en 1 population
- Barrières géographiques potentielles

- **Arginine Kinase**, par séquençage (Allozyme identifiée comme « outlier » par Saavedra *et al.* 1993, 1995)
- **Marqueur Mitochondrial 12S-rRNA** (Séquence de 500 pb)
- **10 à 15 Marqueurs Microsatellites** (Naciri *et al.* 1995 ; Launey *et al.* 2002 ; Lallias *et al.* 2009)
- **384 Marqueurs SNPs**, dont :
  - 48 SNPs développés sur la séquence de gènes candidats potentiellement impliqués dans la résistance ou la sensibilité à la Bonamiose (2 librairies EST, Morga *et al.* 2008)
  - Complément avec une partie des SNPs séquencés dans le cadre du projet européen PopPhyl (Population phylogenomics ; <http://www.isem.cnrs.fr/spip.php?article1046>)

**Marqueurs SNPs** (SNP : Polymorphisme d'un seul nucléotide)

Séquençage de 41 ESTs (portion de la séquence) chez 22 huîtres d'origine différentes (populations naturelles, lignées sélectionnées pour la résistance à la Bonamiose).

Identification de 511 SNPs sur une longueur totale de 19 926 pb, soit une fréquence de 1 SNP toutes les 39 paires de bases. Dont 48 SNPs suffisamment isolés (60 pb flaquantes) pour être génotypés dans les 7 populations naturelles.

**Marqueurs Microsatellites** (Polymorphisme en terme de variation du nombre de répétitions d'un motif nucléotidique, au sein d'un fragment de séquence)

Génotypage d'une portion de la liste

Tendance à confirmer la structuration géographique Atlantique/Méditerranée déjà identifiée.

**L'augmentation du nombre de marqueurs moléculaires devrait augmenter la couverture du génome et accroître ainsi la probabilité de détecter des marqueurs « outlier » afin de mettre en évidence une potentielle sélection des allèles identifiés sur les gènes ciblés ou sur les autres marqueurs.**

Références bibliographiques :  
 Diaz-Almela E., Boudry P., Launey S., Bonhomme F. et Lapègue S., 2004. Reduced female gene flow in the European flat oyster *Ostrea edulis*. *Journal of Heredity* 95(6) : 510-516.  
 Lallias D., Stockdale R., Boudry P., Beaumont A. R. and Lapegue S., 2009. Characterization of 27 microsatellite loci in the European flat oyster *Ostrea edulis*. *Molecular Ecology Resources* 9(3) : 960-963.  
 Launey S., Ledu C., Boudry P., Bonhomme F. et Naciri-Graven Y., 2002. Geographic structure in the European flat oyster (*Ostrea edulis* L.) as revealed by microsatellite polymorphism. *Journal of Heredity* 93(5) : 331-338.  
 Morga B., Arzul I., Faury N. et Renault T., 2008. Identification of genes expressed during an in vitro infection of haemocytes from *Ostrea edulis* with parasites *Bonamia ostreae*. *Journal of Shellfish Research* 27(4) : 1034.  
 Saavedra C., Zapata C., Guerra A. et Alvarez G., 1993. Allozyme variation in European populations of the oyster *Ostrea edulis*. *Marine Biology* 115(1) : 85-95.  
 Saavedra C., Zapata C. et Alvarez G., 1995. Geographical patterns of variability at allozyme loci in the European oyster *Ostrea edulis*. *Marine Biology* 122(1) : 95-104.