

Ressources génétiques chez les huîtres creuses : conservatoire de souche et marqueurs moléculaires

P. Boudry, S. Heurtebise, B. Collet,
F. Cornette, C. Ledu, P. Phélipot & A. Gérard

Laboratoire de Génétique, Aquaculture et Pathologie
BP 133 - 17390 LA TREMBLADE

Le conservatoire de souches d'huîtres creuses a été créé au sein de la Station IFREMER de La Tremblade en 1992. Il est soutenu financièrement par la Région Poitou-Charentes et a pour objectifs :

1. **L'étude de la différenciation génétique** intra et inter-spécifique dans le genre *Crassostrea*.
2. **L'étude des potentialités d'acclimatation** d'huîtres d'origines étrangères dans les eaux françaises, afin de pouvoir identifier celles qui pourraient se substituer à *Crassostrea gigas* en cas d'épizootie majeure sur cette espèce, ou pour une diversification des productions,
3. **L'étude des possibilités d'hybridations** interspécifiques dans le genre *Crassostrea* et des performances des hybrides,

Le Conservatoire de souches est basé dans une salle de "quarantaine", garantissant le traitement des eaux de rejet et donc le confinement d'animaux potentiellement porteurs d'agents pathogènes. 7 espèces sont actuellement représentées : *C. angulata*, *C. rivularis*, *C. virginica*, *C. sikamea*, *C. gasar*, *C. rhizophorae* et *S. commercialis*. Des reproductions ont été réalisées pour *C. virginica* et *C. sikamea* et *C. angulata*. Les élevages et le suivi de performances sont rendus difficiles par le respect des contraintes zoosanitaires. Des mortalités observées chez *C. rivularis* ont permis de mettre en évidence pour la première fois la susceptibilité de cette espèce à un parasite du genre *Bonamia* (Cochennec *et al.*, sous presse dans *Diseases of Aquatic Organisms*).

Des marqueurs moléculaires ont été développés afin de pouvoir étudier la différenciation génétique intra et inter-spécifique dans le genre *Crassostrea*. L'amplification par PCR de fragments mitochondriaux (16S et COI) permet de distinguer les espèces étudiées par RFLP. Des hybrides *C. gigas* x *C. rivularis* ont été identifiés de manière non destructive par analyse des profils de restriction du gene codant pour l'ARN 28S. L'étude de populations identifiées comme *C. gigas* ou *C. angulata* (huître portugaise) met en évidence une nette différenciation entre ces deux taxons. Les similitudes entre les populations originaires du sud de l'Espagne et du Portugal avec celle de Taïwan démontrent l'origine asiatique de *C. angulata*. Ces études seront prochainement étendues à des marqueurs microsatellites (notamment dans le cadre du réseau "Qualité").

