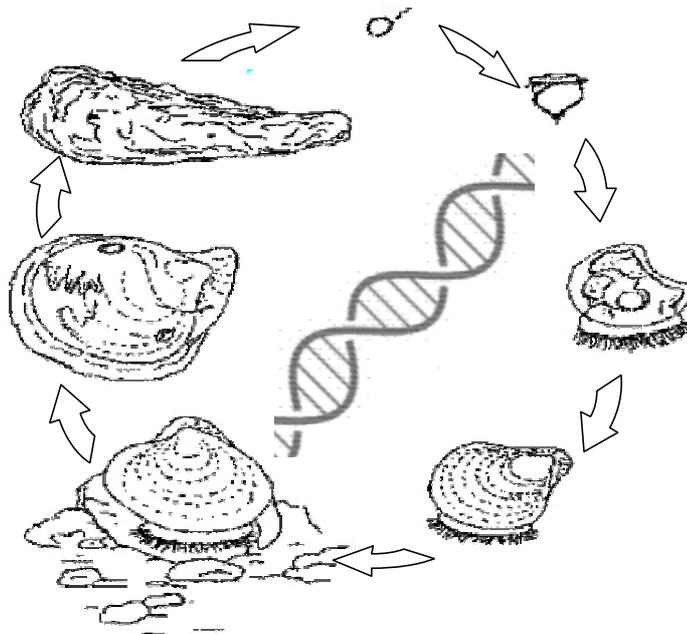


# HABILITATION A DIRIGER DES RECHERCHES

Université de Lille 1

## Diversité génétique chez les huîtres creuses du genre *Crassostrea* : quelles ressources pour quelle amélioration des productions de *C. gigas* ?

Pierre Boudry



Soutenu le 15 Décembre 2003 devant le Jury composé de :

François Bonhomme, Directeur de recherche CNRS  
Catherine Thiriot, Directeur de recherche CNRS  
Henk Van Dijk, Professeur à l'Université de Lille 1  
Joel Cuguen, Professeur à l'Université de Lille 1  
Maurice Héral, Directeur scientifique de l'IFREMER

Rapporteur  
Rapporteur  
Rapporteur  
Directeur  
Examineur

## Remerciements

*Je tiens tout d'abord à remercier Catherine Thiriot, François Bonhomme, Joel Cuguen, Maurice Héral et Henk van Dijk d'avoir accepté de constituer de mon jury d'HRD. Ils m'ont, d'une manière ou d'une autre, accompagné au cours de mon parcours scientifique et me connaissent donc bien. Je ne doute pas qu'ils sauront juger objectivement de mon travail et espère qu'ils pourront me guider pour les années futures, comme ils l'ont fait par le passé.*

*Les travaux présentés dans ce mémoire n'auraient pu être réalisés sans de nombreux collaborateurs : collègues, thésards, étudiants... La liste serait bien longue à établir aussi mes remerciements envers eux seront essentiellement « génériques » et donc pas nominatifs (évitant ainsi les oublis).*

*En premier lieu, merci à André Gérard et Philippe Gouletquer d'avoir tenu la barre du LGP quel que soit le temps et, parfois, mon humeur. J'ai beaucoup appris à leurs cotés. Merci à l'ensemble des cadres et techniciens du LGP, et plus largement de la Station de La Tremblade, de m'avoir initié à l'art de vivre avec les huîtres, et aussi un peu de celui de vivre avec les hommes ! Nombre d'entre eux ont vogué vers d'autres rivages, mais leur trace reste présente dans bien des activités du labo. Quand à celles et ceux qui constituent l'équipe aujourd'hui, j'espère encore faire un bon bout de chemin avec eux.*

*Un merci très chaleureux aux « thésards » dont j'ai contribué ou contribue encore aujourd'hui, au mieux de mes possibilités, à tracer la route. J'ai toujours essayé d'assurer ma « direction scientifique » de manière à ce qu'ils puissent développer leur aptitude à voler un jour de leurs propres ailes, tout en tâchant d'assurer leur avenir, immédiat et à plus long terme. Beaucoup de ce qui est présenté dans ce mémoire est d'abord le fruit de leur travail. Par extension, merci à l'ensemble des stagiaires qui ont également contribué à ces études. J'espère leur avoir transmis l'envie de continuer dans la voie de la recherche.*

*Merci à l'ensemble des collaborateurs, en France et à l'étranger, qui rendent le travail de scientifique si riche en rencontres et en échanges.*

*Merci à mes parents et à mon frère pour leur confiance et leur affection de tous les instants.*

*Finally, thanks to Helen for her love, support and help during these years. Myfanwy and Arianell are, by far, the most fascinating and the most unpredictable « experiments » we ever initiated together.*

# Sommaire

<b>1 FORMATION &amp; PARCOURS PROFESSIONNEL</b>	<b>1</b>
1.1 Curriculum vitae	1
1.2 Parcours scientifique et professionnel	2
<b>2 RAPPORT SCIENTIFIQUE</b>	<b>3</b>
2.1 Avant propos	3
2.2 Introduction	4
2.3 <b>Phylogénie, phylogéographie et systématique des huîtres creuses</b>	<b>4</b>
2.3.1 Origine de l'huître portugaise, <i>Crassostrea angulata</i>	6
2.3.2 Histoire évolutive respective de <i>C. gigas</i> et de <i>C. angulata</i> en Europe et en Asie	7
2.3.3 Une nouvelle espèce d'huître à Hong Kong ?	10
2.3.4 Répartition et phylogénie de l'huître de palétuvier <i>Crassostrea gasar</i>	11
2.3.5 Conclusions et perspectives	12
2.4 <b>Caractérisation phénotypique de populations d'huîtres creuses de diverses origines</b>	<b>14</b>
2.4.1 Etudes en conditions expérimentales	15
2.4.2 Etudes en condition de production	16
2.4.3 Conclusions et perspectives	17
2.5 <b>Variabilité, plasticité et base génétique des caractères quantitatifs chez <i>Crassostrea gigas</i></b>	<b>18</b>
2.5.1 Etude de la variabilité de la croissance et de survie	18
2.5.1.1 Suivis en phases larvaire et naissain	19
2.5.1.2 Importance de la maîtrise des conditions trophiques	21
2.5.2 Un caractère « particulier » : l'aneuploïdie	22
2.5.3 Bases génétiques de la croissance, de la survie et de l'effort reproducteur	23
2.5.3.1 Bases génétiques de caractères aux stades larvaire et post-larvaire	24
2.5.3.2 Bases génétiques de caractères aux stades naissain et adulte	25
2.5.4 Conclusions et perspectives	29
2.5.4.1 Estimation des paramètres génétiques sur des familles en mélange	29
2.5.4.2 Utilisation des marqueurs génétiques en sélection	30
2.5.4.3 Evolution des populations exploitées	31
2.6 <b>Conclusion générale</b>	<b>32</b>
2.7 <b>Références bibliographiques</b>	<b>34</b>
<b>3 LISTE DES PUBLICATIONS ET COMMUNICATIONS</b>	<b>37</b>
3.1 <b>Publications</b>	<b>37</b>
3.2 <b>Actes de colloques</b>	<b>39</b>
3.3 <b>Communications orales et posters</b>	<b>42</b>
3.4 <b>Encadrement d'étudiants (Bac+2 à Bac+5)</b>	<b>48</b>
3.5 <b>Encadrement d'étudiants en thèse</b>	<b>49</b>

<b>3.6</b>	<b>Encadrement de post-doctorants</b>	<b>50</b>
<b>3.7</b>	<b>Participation à des jurys ou évaluation de thèse</b>	<b>50</b>
<b>3.8</b>	<b>Rapports de contrats</b>	<b>51</b>
<b>3.9</b>	<b>Enseignements</b>	<b>53</b>
<b>3.10</b>	<b>Revue d'articles et de projets</b>	<b>54</b>

# **1 FORMATION & PARCOURS PROFESSIONNEL**

## **1.1 Curriculum vitae**

Nom	Boudry
Prénom	Pierre
Né le	20 juillet 1965 à Calais
Nationalité	Française
Situation familiale	Marié, 2 enfants

**Situation professionnelle:**

- Responsable du « pôle génétique » au sein du Laboratoire IFREMER de Génétique et Pathologie (La Tremblade, Charente Maritime)
- Responsable thématique génétique au sein du Département Ressources Aquacoles (Direction des Ressources Vivantes, IFREMER)

**Adresse professionnelle:**

IFREMER / LGP  
Mus du Loup  
17390 La Tremblade  
Tel. +33 (0)5 46 36 76 18  
Fax. +33 (0)5 46 36 37 51  
Email: [pboudry@ifremer.fr](mailto:pboudry@ifremer.fr)

**Adresse personnelle :**

35 rue des Riveaux  
17390 La Tremblade - France -  
Tel. +33 (0)5 46 36 31 29

**Diplômes :**

- 1994 : **Thèse de Doctorat de l'Université Pierre et Marie Curie (Paris 6):** mention "très honorable avec les félicitations du jury".
- 1990 : **D.E.A.** "Ressources génétiques et culture de plantes ", Université de Paris VI et Paris XI, Institut National Agronomique, Paris.
- 1987 : **Ingénieur en Agriculture**, Institut Supérieur d'Agriculture (I.S.A.), Lille.
- 1983 : **Baccalauréat « D »** (Mathématiques et Sciences de la Nature), Mention « assez bien », Académie de Lille.

## 1.2 Parcours scientifique et professionnel

### Ecologie végétale :

*Laboratoire de Botanique L. Daniel, Université de Rennes 1. De mai à novembre 1987, sous la direction du Dr. L. Massé :*

- Analyse de communautés végétales des tourbières.

*Laboratoire de Biologie, Base Alfred Faure, Archipel Crozet, Terres Australes et Antarctiques Françaises, de décembre 1987 à décembre 1988 :*

- Ecologie et systématique de mousses et hépatiques.
- Etude de terrain des communautés végétales des tourbières.

### Amélioration des plantes :

*G.I.E. Bretagne-Plants, Quimper, de mars à août 1989 :*

- Culture de pommes de terre diploïdes et tetraploïdes, croisements interspécifiques.
- Reproduction *in vitro* de pommes de terre.

*Hybritech Co. (Monsanto), Lescar, de mars à octobre 1990 :*

- Etude de la production et la dispersion du pollen chez le blé.
- Méthodologie de production de semences hybrides F1 chez le blé.

### Génétique :

*Laboratoire de Génétique et Evolution des Populations Végétales, URA-CNRS 1185, Université de Lille 1, de novembre 1990 à avril 1994. Thèse sous la direction du Pr. H. Van Dijk :*

- Variabilité génétique et plasticité phénotypique des caractères de cycle de vie chez les betteraves sauvages et mauvaises herbes, études basées sur des expériences réalisées en serres et en parcelles expérimentales.
- Cartographie du gène du “bolting”, en collaboration avec le Pr. C. Jung, Institut de Botanique, Université de Munich, Allemagne.
- Etude des flux géniques entre betteraves cultivées et sauvages, en utilisant des marqueurs mitochondriaux, chloroplastiques et nucléaires.

*School of Biological Sciences, Université de Bangor, Pays de Galles, de mai à septembre 1994. Post doctorant sous la direction du Dr. C. Gliddon :*

- Modélisation et estimation des flux géniques par dispersion du pollen chez les plantes cultivées, en relation l'étude des risques liés à l'utilisation de plantes transgéniques.

*Laboratoire de Génétique & Pathologie, IFREMER, Station de la Tremblade, contrat à durée indéterminée depuis décembre 1994, sous les directions successives des Drs. A. Gérard et Ph. Goulletquer :*

- Étude des ressources génétiques des huîtres creuses.
- Etude de la variabilité génétique de *C. gigas* pour des caractères d'intérêt aquacoles.

## **2 RAPPORT SCIENTIFIQUE**

### **2.1 Avant propos**

L'essentiel de mon travail de recherche depuis ma thèse a porté, au sein du Laboratoire IFREMER de Génétique et Pathologie de La Tremblade, sur l'étude de la diversité génétique et des possibilités d'amélioration génétique chez les huîtres, et en premier lieu chez l'espèce aujourd'hui principalement produite en France : *Crassostrea gigas*. Les études sur d'autres espèces d'intérêt aquacole (bivalves : huîtres plate et perlière, moules ; crustacés : crevette pénéide), réalisées en collaboration avec différents collègues, ne seront pas présentées dans ce mémoire (ces travaux sont référencés dans la liste des publications auxquelles j'ai contribué).

Afin de ne pas alourdir la lecture de ce document (et peut-être également pour éviter des oublis) j'ai choisi de ne pas citer, au fil de ce mémoire, les nombreux collègues et étudiants qui ont travaillé avec moi au cours de ces dernières années. Il est cependant évident que les travaux présentés ici résultent presque exclusivement d'un travail d'équipe et les résultats présentés n'auraient pu l'être sans eux. Leur noms apparaissent dans les publications auxquelles je me réfère au long de ce mémoire. L'alternance entre le « je » et le « nous » traduit sans doute également le fait que je ne peux (et ne veux) « m'approprier » totalement les résultats présentés ici.

Dans ce mémoire, les connaissances acquises seront présentées de manière synthétique, les détails des protocoles expérimentaux et des résultats se trouvant dans mes articles. Les publications en lien avec les travaux présentés dans ce mémoire sont présentées en annexe.

J'ai choisi de présenter tout d'abord mes travaux sur la phylogénie et la phylogéographie des huîtres creuses, puis la caractérisation de populations de *C. gigas* et *C. angulata* de diverses origines géographiques et, enfin, les études de la variation phénotypique et génétique de caractères d'intérêt aquacole chez *C. gigas*, organisant donc ce mémoire de la diversité inter-spécifique vers la diversité intra-spécifique et de données moléculaires vers des données phénotypiques. Chaque partie sera discutée successivement.

## **2.2 Introduction**

L'objectif de mon activité de recherche est d'étudier les facteurs génétiques responsables des variations phénotypiques observées pour les caractères d'intérêt aquacole chez les huîtres, afin de permettre leur amélioration. Ces facteurs génétiques peuvent être de plusieurs types :

- ploïdie (variations du nombre de chromosomes),
- polymorphisme de l'ADN (marqueurs « neutres », gènes candidats, ESTs...),
- variance génétique (approche « quantitative »).

Les deux caractères principaux caractères phénotypiques étudiés sont :

- la survie, en relation avec la physiologie (notamment l'effort reproducteur) et avec l'environnement, les agents pathogènes et donc les facteurs de défense (immunologie).
- la croissance, en relation avec l'écophysiologie (acquisition des ressources, coût de la reproduction).

L'étude des bases génétiques de la variabilité existant dans les populations naturelles ou cultivées pour ces caractères a pour but d'améliorer les productions en terme de quantité et de qualité. A un premier niveau, l'étude des ressources génétiques a pour objectif de décrire la diversité génétique existant chez les huîtres à l'aide de marqueurs ADN (phylogénie, phylogéographie, génétique des populations) et/ou de descripteurs phénotypiques (testage de souches). A un second niveau, l'amélioration et la sélection de souches a pour objectif de modifier (par sélection et/ou « manipulation » du génome) les phénotypes afin qu'ils correspondent au mieux aux besoins de la production et/ou des consommateurs. Il s'agit d'étudier la faisabilité et/ou d'optimiser les méthodes d'amélioration génétique, plutôt que de produire des génotypes améliorés, ce qui est du ressort du secteur productif (notamment les écloséries d'huîtres).

## **2.3 Phylogénie, phylogéographie et systématique des huîtres creuses**

L'étude des ressources génétiques des espèces d'intérêt agricole ou aquacole représente une composante importante de l'amélioration durable des productions. En effet, l'amélioration par la sélection repose principalement sur l'utilisation de la diversité présente dans les populations sauvages des espèces exploitées. Chez les huîtres, comme chez de nombreuses espèces exploitées mais pas ou peu domestiquées, une étape fondamentale de ces études consiste dans

l'identification des espèces exploitées, de leur répartition géographique et des liens phylogénétiques qui les unissent.

Les huîtres creuses (Famille : Ostreidae, Rafinesque, 1815; Sous-famille : Crassostreinae Torigoe, 1981) sont aujourd'hui regroupées en 3 genres : *Crassostrea*, *Striostrea* et *Saccostrea* (Harry, 1985). Elles se distinguent des huîtres plates (genres *Ostrea* et *Tiostrea*) par un ensemble de caractères morphologiques et reproductifs (libération des gamètes femelles *versus* incubation plus ou moins prolongée des larves par les femelles). Les genres *Saccostrea* et *Striostrea* regroupent des espèces essentiellement présentes dans l'Océan Pacifique. Le genre *Crassostrea* est lui représenté sur presque toutes les côtes bordant les mers tempérées du globe (Asie : *C. gigas*, *C. ariakensis*, *C. sikamea*, Afrique : *C. gasar*, Amérique : *C. virginica*, *C. rhizophorae*). Du fait de l'habitat, de l'ancienneté de ces espèces à l'échelle géologique et de la très bonne aptitude à la fossilisation de leurs coquilles, il semble exister un grand nombre d'espèces aujourd'hui éteintes (Stenzel, 1971). Cependant, à ma connaissance, peu d'informations sont aujourd'hui disponibles sur le centre d'origine des Ostreidae ou des Crassostreinae (Durve, 1986).

Malgré l'importance économique de certaines des espèces d'huîtres, la systématique au sein de ces genres et la répartition des taxons existants aujourd'hui restent relativement mal connues. La grande plasticité morphologique des coquilles de ces espèces, les nombreuses introductions et transferts (volontaires ou non), et l'absence d'intérêt commercial de certaines espèces apparaissent comme les principales raisons de cette méconnaissance. Le développement des marqueurs génétiques, allozymes puis marqueurs du polymorphisme de l'ADN, a donc beaucoup apporté aux études de systématique et phylogénie des huîtres creuses (Littlewood, 1994). La caractérisation des chromosomes (morphométrie et « banding ») (voir pour revue (Thiriot-Quévieux, 2002) et l'étude (expérimentale ou en populations naturelles) des hybridations entre taxons (voir pour revue Gaffney, Allen, 1993a) ont également directement contribué à améliorer les connaissances dans ces domaines.

Mes travaux dans ces domaines ont porté sur plusieurs taxons d'origines géographiques diverses : des huîtres présumées *C. gigas* ou *C. angulata* d'Asie et d'Europe, et des huîtres présumées *C. gasar* ou *C. rhizophorae* de palétuvier d'Afrique et d'Amérique du sud. Ces travaux sont principalement basés sur l'utilisation de marqueurs du génome mitochondrial (16S, COI) et sont souvent prolongés par des marqueurs du génome nucléaire plus

(microsatellites) ou moins (28S) polymorphes. J'ai également collaboré à l'étude des karyotypes de certaines espèces. Les résultats ont permis, pour plusieurs taxons, de retrouver des introductions oubliées, de corriger des mauvaises identifications et de préciser des aires de répartitions incertaines. D'un point de vue plus appliqué, ces informations apportent des éléments importants en terme de gestion de ces espèces, de ressources génétiques pour l'amélioration et/ou de réglementation des échanges commerciaux.

### 2.3.1 Origine de l'huître portugaise, *Crassostrea angulata*

L'huître dite « portugaise », *Crassostrea angulata*, initialement décrite par Lamarck en 1819, a constitué une espèce majeure de la production ostréicole française durant près d'un siècle, sa production annuelle ayant dépassé 100.000 tonnes/an dans les années 1950 (Gouletquer et Héral, 1997). Elle fut introduite en France en 1868 en provenance du Portugal (la surexploitation ayant réduit les bancs naturels d'*Ostrea edulis*, l'importation d'huîtres répondait à la demande du marché national). En 1867, la cargaison du « Morlaisien » fut jetée par dessus bord dans l'estuaire de la Gironde et l'espèce s'établit très rapidement le long des côtes atlantiques françaises, permettant l'essor de l'ostréiculture en France. Les similarités morphologiques de *C. angulata* avec *C. gigas* (Ranson, 1948; 1960), puis les résultats obtenus en croisements et avec des marqueurs allozymiques (Mathers *et al.*, 1974); (Buroker, *et al.*, 1979 ; Mattiucci et Villani, 1983), ont amené à la conclusion qu'il s'agissait en fait d'une seule et même espèce (Menzel, 1974). Il restait à expliquer la répartition géographique de ces deux taxons (*C. gigas* en Asie et *C. angulata* en Europe).

Afin d'aborder cette question, j'ai tout d'abord collecté des échantillons dans des populations d'huîtres supposées *C. angulata* au sud du Portugal et de l'Espagne, et des échantillons dans des populations d'huîtres supposées *C. gigas* en France et en Asie (Japon, Corée, Chine, Taiwan) afin de rechercher des différences (par la technique de PCR-RFLP, puis par séquençage) pour un gène mitochondrial (Cytochrome oxydase I) communément utilisé pour des études de différenciation génétique chez les bivalves (Ofoighil *et al.*, 1998). Contrairement aux travaux précédents, basés sur des caractères morphologiques ou des allozymes, des différences très nettes, en terme de fréquence haplotypique, et donc de différenciation génétique entre populations, ont été observées entre certaines populations présumées *C. angulata* et certaines populations présumées *C. gigas* (moyenne des valeurs de *Fst* entre paires de populations inter-taxons = 0.88) (**article 2**). De plus, les différences entre les deux taxons ont permis d'identifier l'origine probable de *C. angulata* : Taiwan. L'hypothèse est

que des marins portugais auraient introduit, volontairement ou non, ce taxon en Europe suite à leurs voyages en Asie. Cette première introduction d'Asie en Europe semble avoir été « oubliée », et *C. angulata* de « taiwanaise » est ainsi devenue « portugaise ».

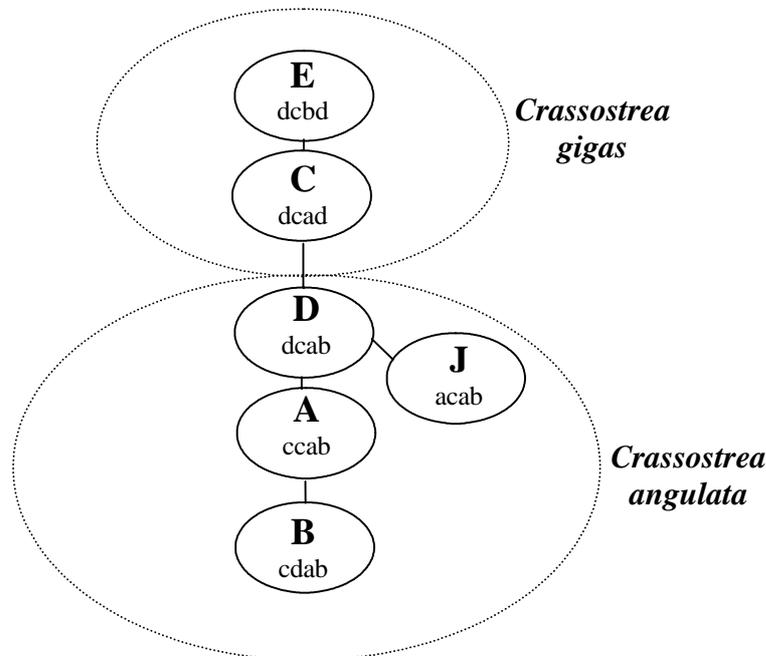


Figure 1. Arbre des haplotypes RFLP pour le fragment du gène mitochondrial COI et leur spécificité taxonomique. Les lettres minuscules correspondent aux profils de restriction observés respectivement pour les enzymes de restriction *TaqI*, *Sau3A*, *HhaI* and *MseI*. Chaque haplotype est séparé de l'haplotype voisin par un seul site de restriction (*articles 2 et 24*).

### 2.3.2 Histoire évolutive respective de *C. gigas* et de *C. angulata* en Europe et en Asie

Un marqueur mitochondrial distinguant *C. gigas* de *C. angulata*, plusieurs nouvelles questions sont alors apparues : quelles sont les aires de répartition respectives de *C. gigas* et *C. angulata* en Europe et en Asie ? Quel est le niveau de différenciation au niveau nucléaire ? Ces deux taxons pouvant s'hybrider en laboratoire, un isolement reproductif partiel peut-il être mis en évidence ?, Existe-t-il des zones de sympatrie, et si oui, d'hybridation ?

Les aires de répartition actuelles de *C. gigas* et *C. angulata* sont maintenant bien connues en Europe grâce au marqueur spécifique mitochondrial COI (**article 24**). Il faut noter que les huîtres étant des hermaphrodites alternées (chaque individu pouvant être mâle et femelle au cours de sa vie), ce marqueur mitochondrial reflète mieux la présence de chaque taxon que pour une espèce où les sexes seraient séparés. En France, les populations de *C. angulata* semblent avoir presque complètement disparu suite aux mortalités massives de la fin des années 1960 (épizootie liée à un iridovirus). Les haplotypes spécifiques de ce taxon ne sont retrouvés qu'en faible fréquence (< 0.1) notamment au Pays Basque. Les populations de Galice et des côtes atlantiques nord de l'Espagne sont très majoritairement constituées de *C. gigas*. On ne trouve aujourd'hui des populations européennes de *C. angulata* qu'au sud de l'Espagne et du Portugal. Une population a également été identifiée au Maroc. En Asie, les connaissances sont plus limitées. *C. angulata* n'avait été retrouvé qu'à Taiwan mais l'échantillonnage restait trop limité. Les recherches à Hong Kong ont donné des résultats inattendus (voir ci-dessous). Cependant, certaines séquences très récentes (Xiang *et al.*, 2003) d'individus identifiés comme *C. talienwhanensis*, originaires du nord de la Chine, correspondent à celles de *C. angulata*. Ces deux taxons pourraient donc être synonymes, et l'aire de répartition de *C. angulata* en Asie serait donc nettement plus large qu'envisagée jusqu'à présent. Des contacts sont en cours avec des collègues chinois pour continuer les recherches dans cette direction.

La différenciation entre ces deux taxons a également été étudiée à l'aide de marqueurs nucléaires (**article 11**). Suite aux résultats obtenus avec des allozymes, nous avons choisi d'utiliser des marqueurs plus variables, les microsatellites, espérant notamment pouvoir mettre en évidence des effets de dérive génétique suite aux introductions d'Asie vers l'Europe. Les résultats obtenus ont montré un niveau de différenciation nucléaire significatif mais très faible ( $F_{st} = 0.02$ ) entre les populations des deux taxons. Les niveaux de diversité allélique et l'hétérozygotie observés en Asie et en Europe sont identiques, ne mettant donc pas en évidence d'effet de dérive génétique suite aux introductions. Ces résultats sont donc tout à fait cohérents avec ceux observés avec les allozymes. La forte différence entre marqueurs nucléaire et mitochondrial en terme de différenciation génétique entre les populations reste globalement difficile à expliquer. Le marqueur mitochondrial indique des flux géniques très faibles ou nuls entre populations des deux taxons. Les marqueurs nucléaires montrent un niveau de différenciation génétique très faible, sans doute lié à la divergence récente entre les deux taxons. Prises conjointement, ces deux informations ne sont pas contradictoires, mais

supposent une différenciation parapatrique (en Asie) et récente (1-2 millions d'années). Les récents résultats concernant la présence de *C. angulata* au nord de la Chine restent à intégrer dans cette hypothèse.

D'autre part, les expérimentations réalisées en éclosérie n'ont pas permis de mettre en évidence un isolement reproductif pré- ou post-zygotique, même partiel (**articles 15 et 18**). En effet, en condition de compétition, le sperme des deux taxons ne féconde pas mieux les ovocytes de femelles de leur taxon que ceux de femelles de l'autre taxon. Les diverses expériences de croisement ont montré des effets maternels importants (qualité des ovocytes) mais pas d'isolement reproductif.

Pour ce qui est des hybridations en populations naturelles, le faible niveau de différenciation des génomes nucléaires des deux taxons, et donc l'absence de marqueur nucléaire spécifique de chaque taxon, a rendu relativement difficile l'étude de l'hybridation entre populations des deux taxons (comparativement à d'autres espèces plus nettement différenciées comme par exemple les moules *Mytilus edulis* et *M. galloprovincialis*). De plus, nous ignorons s'il existait des régions géographiques où les deux taxons sont naturellement en sympatrie. En Asie, un échantillonnage le long des côtes chinoises (entre Taiwan et la Corée) serait nécessaire pour répondre à cette question. En Europe, il semble exister une discontinuité géographique entre populations de *C. gigas* et de *C. angulata* (entre le nord du Portugal et la Galice). Après des tentatives infructueuses de recherche de marqueurs nucléaires spécifiques (séquençage d'ITS, DALP...), la mise au point d'un marqueur « pseudo-spécifique » par PCR-RFLP d'une insertion de 21 nucléotides dans la zone flanquante du microsatellite GC44R, présentant un niveau de différenciation équivalent à celui des marqueurs mitochondriaux ( $F_{st} = 0.71$ ), nous a permis de rechercher des indices d'hybridation entre les deux taxons (**article 35**). Les données obtenues pour une population du sud du Portugal, où l'introduction de *C. gigas* à des fins aquacoles a permis une mise en contact des deux taxons, nous indiquent que les deux taxons s'hybrident dans cette région.

Du fait de l'absence d'information précise sur l'évolution de l'insertion de 21 nucléotides sur laquelle est basée ce travail, seules des études plus approfondies de la différenciation du génome nucléaire entre *C. gigas* et *C. angulata* permettront de préciser l'histoire évolutive de ces deux taxons.

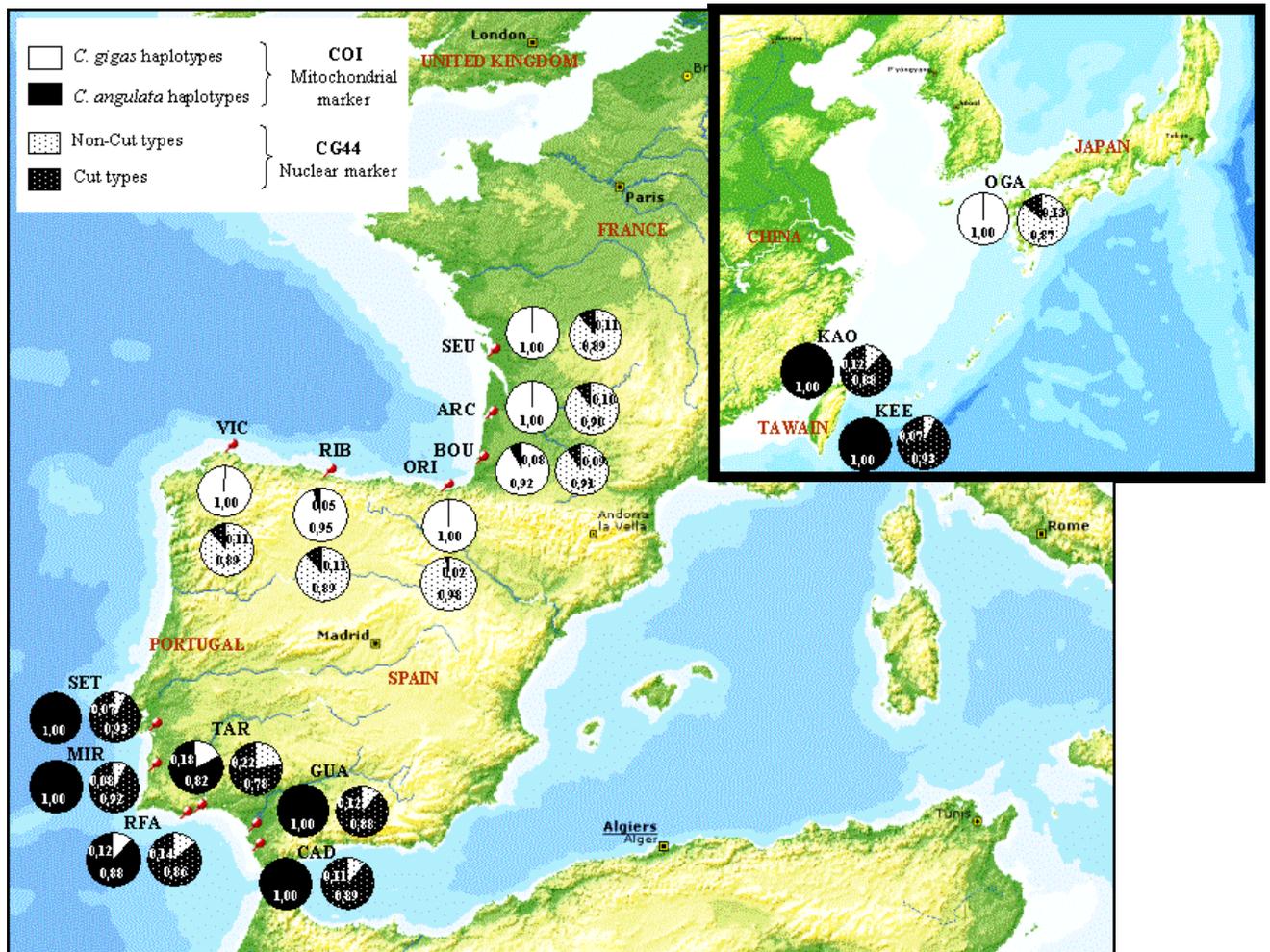


Figure 2: Fréquences alléliques aux marqueurs RFLP COI et CG44R dans des populations européennes et asiatiques de *C. gigas* et *C. angulata* (**article 35**).

### 2.3.3 Une nouvelle espèce d'huître à Hong Kong ?

Cherchant à améliorer notre connaissance de l'aire de répartition de *C. angulata* en Asie, j'ai eu l'opportunité d'étudier des échantillons (initialement présumés *C. gigas*) récoltés à Hong Kong. Compte-tenu de la relative proximité géographique entre Taiwan et Hong Kong, il était en effet envisageable que ces huîtres présumées *C. gigas* soient en fait des *C. angulata*. Leur caractérisation par PCR-RFLP sur le gène mitochondrial COI a montré qu'il s'agissait en fait d'un haplotype original et que ni *C. gigas* ni *C. angulata* ne sont présents à Hong Kong. Les données de séquence (gènes 16S, COI et 28S) ont montré des niveaux de divergence importants pour les gènes étudiés entre les huîtres de Hong Kong et *C. gigas* (ou *C. angulata*) (**article 33**). Ces résultats ont donc révélé qu'il s'agit soit d'une nouvelle espèce, soit d'une espèce précédemment décrite en Chine mais pour laquelle il n'existe pas d'information dans

les banques de données de séquences d'ADN. Les données publiées récemment par (Yu *et al.*, 2003) semblent exclure *C. plicatula* et *C. talienwhanensis* des espèces d'appartenance possible pour ces huîtres de Hong Kong.

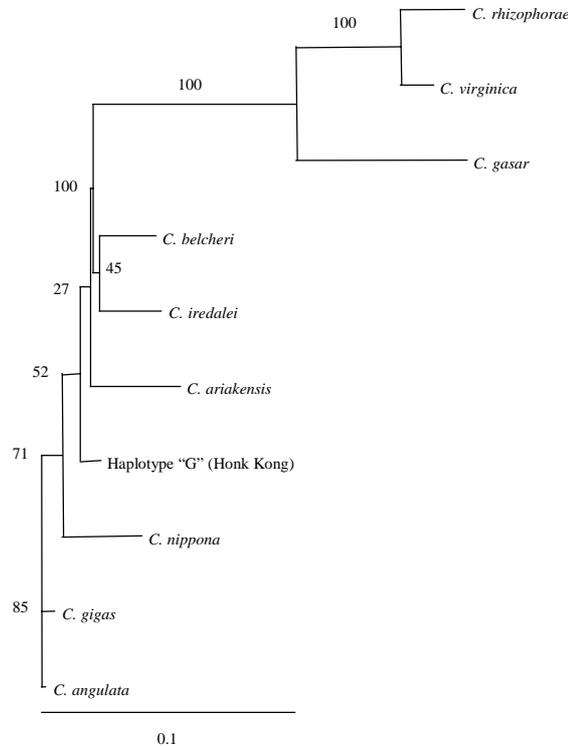


Figure 3 : Arbre phylogénétique obtenu à partir des séquences de 16S chez divers espèces du genre *Crassostrea* (**article 33**).

#### 2.3.4 Répartition et phylogénie de l'huître de palétuvier *Crassostrea gasar*

Comparativement aux espèces des mers tempérées, relativement peu d'informations sont disponibles concernant les huîtres des zones tropicales et équatoriales. Dans cadre de l'étude de la diversité des huîtres creuses, et afin de pouvoir disposer de marqueurs moléculaires pouvant distinguer et identifier ces espèces, j'ai étudié un certain nombre d'échantillons d'huîtres en provenance d'Afrique et d'Amérique centrale et du Sud. Parmi ces espèces, figuraient l'huître de palétuvier *C. gasar*, décrite en Afrique de l'ouest (Sénégal, Côte d'Ivoire...) et *C. rhizophorae*, décrite dans le Golfe du Mexique et le long des côtes atlantiques de l'Amérique du sud.

L'ensemble des échantillons ouest-africains a présenté un même haplotype du gène mitochondrial 16S, qui a été associé à l'espèce *C. gasar*. Par contre, les échantillons américains, initialement identifiés comme *C. rhizophorae*, ont présenté deux haplotypes, dont

un similaire à celui de *C. gasar*. Ces observations ont été confirmées par le séquençage partiel de ce gène. Nous avons donc conclu que la répartition géographique de *C. gasar* n'est pas uniquement limitée aux côtes ouest-africaines, mais que cette espèce est également présente sur les côtes atlantiques de l'Amérique du sud (**article 19**). La similarité génétique des populations africaines et américaines de *C. gasar* a été confirmée par la comparaison du caryotype de plusieurs individus. D'un point de vue phylogénétique, les résultats obtenus ont également permis de positionner *C. gasar* comme une espèce intermédiaire entre les espèces asiatiques (*C. gigas*, *C. ariakensis*) et américaines (*C. virginica*, *C. rhizophorae*). Les travaux s'orientent maintenant vers l'étude d'échantillons sud-américains identifiés comme *C. brasiliensis* (Ignacio *et al.*, 2000). Il est possible que ce taxon soit en fait synonyme de *C. gasar*.

Dans un second temps, nous avons recherché des marqueurs susceptibles de différencier populations africaines et Américaines de *C. gasar*. Les résultats, encore préliminaires, obtenus avec le séquençage du fragment ITS-2, confirment le très faible niveau de divergence entre populations des 2 continents, mais laissent également supposer des flux géniques très faibles entre populations africaines et américaines. L'histoire évolutive respective des populations africaines et américaines de *C. gasar* reste donc à découvrir : introduction récente suite au commerce des esclaves entre l'Afrique et l'Amérique ou migration naturelle ?

### 2.3.5 Conclusions et perspectives

L'ensemble des travaux auxquels j'ai participé concernant la phylogénie, la phylogéographie et systématique des huîtres creuses montre que les connaissances dans ce domaine restent encore parcellaires. Une des difficultés dans ce domaine reste la simple disponibilité des échantillons. Il n'existe malheureusement pas aujourd'hui d'organisation ayant pour vocation la collecte et la conservation d'échantillons d'huîtres (comme c'est le cas pour de nombreuses espèces d'intérêt économique et/ou scientifique). Il m'apparaît clair que la diversité des huîtres en Chine, avec plus d'une vingtaine d'espèces décrites, devrait être prioritairement étudiée. Les travaux actuellement entrepris par l'Aquaculture Genetics and Breeding Technology Center (Virginia Institute of Marine Science, U.S.A.) et les collègues chinois vont dans ce sens. Au delà des études basées sur les marqueurs communément utilisés en phylogénie et systématique moléculaire (16S, COI, 28S), encore riches en potentiel de découvertes, plusieurs autres approches me paraissent nécessaires.

Premièrement, les huîtres ayant un nombre identique de chromosomes ( $2n = 20$ ) présentant des morphologies relativement similaires, les développements en cytogénétique moléculaire (enzymes de restriction et FISH) devraient permettre d'aborder l'évolution de la structure du génome des huîtres (remaniements chromosomiques,...) entre espèces. Les développements actuels dans le domaine de la cartographie génétique chez *C. gigas* (Hedgecock *et al.*, in prep) et *C. virginica* (Yu et Guo, 2003) devraient également permettre d'améliorer les connaissances dans ce domaine (cartographie comparée des génomes).

D'autre part, les hybridations entre espèces proches (notamment au sein du groupe d'espèces asiatiques : *C. gigas*, *C. angulata*, *C. sikamea*, *C. ariakensis*) sont aujourd'hui relativement bien documentées en conditions d'écloserie (Gaffney et Allen, 1993b). Cependant, peu d'études concernent les hybridations en conditions naturelles. Des flux géniques, même limités existent-ils entre ces espèces ? Si non, quels sont les facteurs qui assurent leur isolement (sachant qu'elles s'hybrident au laboratoire et que leur aires de répartition sont partiellement sympatriques) ? Si oui, quelle importance ont ces flux dans l'évolution des espèces ? Comment les espèces gardent-elles leur « intégrité » génétique (dynamique des zones d'hybridation) ?

Comme montré par les travaux présentés dans ce chapitre, l'importance des transferts liés aux activités humaines a évidemment tendance à « brouiller les cartes » de la différenciation entre populations. Il est probable que le développement de la multiplication en écloserie et du commerce de larves et/ou de naissain ces dernières décennies ne fera qu'amplifier le phénomène pour la diversité intra et inter-spécifique des espèces aquacoles. Il convient donc (1) d'étudier et si possible de conserver le rapidement possible les populations naturelles dans leur habitat d'origine (avant qu'elles ne soient éventuellement perturbées ou mises en contact avec des populations introduites) afin de préserver cette biodiversité et (2) d'aborder les interactions entre populations « sauvages » et populations « d'aquaculture », même si la distinction entre ces deux type de population n'est parfois pas évidente. Ces interactions peuvent être étudiées à plusieurs niveaux : (1) par des marqueurs du polymorphisme neutre (image de la diversité génétique globale), (2) par des marqueurs liés à des caractères différenciant population sauvage et population d'aquaculture et (3), pour ce qui concerne les interaction entre espèces différentes, les phénomènes de compétitions et/ou le cas échéant d'hybridations. Le développement actuel de souches aquacoles domestiquées et/ou sélectionnées (voir ci-dessous), rendu possible par la multiplication en écloserie, devrait

rendre ces questions de plus en plus pertinentes (comme c'est le cas pour les espèces de poissons sélectionnées depuis quelques décennies).

#### **2.4 Caractérisation phénotypique de populations d'huîtres creuses de diverses origines**

La recherche d'espèces ou de souches d'huîtres d'intérêt pour l'aquaculture a, jusqu'à aujourd'hui, été la principale réponse donnée face aux difficultés rencontrées. Ainsi, *C. gigas* fut introduite en Europe suite à l'épizootie subie par *C. angulata* (voir ci-dessus). De même, suite à l'effondrement de la production d'*Ostrea edulis*, liée à la marteliose et la bonamiose, diverses espèces d'huîtres plates ont été testées en France (Bougrier *et al.*, 1986). Aucune des espèces testées ne s'étant avérée résistante, les travaux se sont orientés vers la sélection de génotypes plus résistants au sein de l'espèce *O. edulis* (Naciri-Graven *et al.*, 1998). Heureusement, il n'existe aujourd'hui pas d'agent pathogène ayant une incidence majeure sur les productions de *C. gigas* en France.

De manière générale, la caractérisation phénotypique de populations d'huîtres de diverses origines représentait un élément majeur de l'étude des ressources génétiques de ces espèces. Ce travail est cependant fortement limité par les contraintes liées aux risques d'introductions de pathogènes et au confinement des espèces exotiques (conformément au « code of practice » du Conseil International pour l'Exploration de la Mer). L'introduction de géniteurs d'origines géographiques diverses s'est avérée une tâche de « longue haleine », car dépendante de la bonne volonté des collègues contactés et des difficultés d'expédition d'huîtres sur de longues distances. Nombreux sont les contacts qui n'ont pas abouti. Dans certains cas, les lots ont dû être supprimés (ex. lot de *C. gigas* en provenance de Corée du Sud porteur de *Martelioides* sp.) ou n'ont pu être reproduits (ex. *C. ariakensis* en provenance des USA pour lesquels la totalité des animaux ont mûri comme mâles).

En conséquence, le testage de populations d'huîtres creuses s'est essentiellement porté sur différentes souches géographiques de *C. gigas* et *C. angulata*. Afin de tenir compte des effets liés à l'âge et aux conditions environnementales rencontrées dans les diverses régions d'origine, ces travaux ont été menés sur les descendants de géniteurs importés de ces zones, élevés dans des conditions similaires. L'avantage d'une telle démarche réside essentiellement en l'élimination des risques zoonosaires et des biais évoqués ci-dessus, mais limite la portée

des résultats obtenus (les lots testés n'étant pas forcément représentatifs des populations testées).

#### 2.4.1 Etudes en conditions expérimentales

Les études en conditions expérimentales ont eu pour objectif essentiel de comparer certaines fonctions physiologiques (respiration, filtration, assimilation...) ainsi que des caractères d'intérêt aquacole (croissance, survie) entre différentes souches géographiques de *C. gigas* et *C. angulata* (l'étude d'autres espèces étant difficile du fait des contraintes de confinement).

Dans un premier temps, des travaux ont été menés sur la consommation en oxygène (indicateur physiologique du coût énergétique de maintenance résultant du catabolisme) de naissain (0,25 à 0,4 mg) dont les géniteurs étaient originaires de France, du Japon (*C. gigas*), d'Espagne et de Taiwan (*C. angulata*). Le taux de respiration de chaque souche a été mesuré individuellement à 20°C au moyen d'un respiromètre volumétrique. Les résultats ont montré que les souches d'origines française et japonaise (*C. gigas*) ont un taux de respiration plus élevé que les souches d'origines espagnole et taiwanaise (*C. angulata*) (**article 8**).

Dans un second temps, ces travaux se sont poursuivis sur des individus de plus grande taille, permettant d'établir un bilan physiologique (taux de filtration, d'ingestion, d'absorption et de respiration) permettant de déterminer une estimation du « scope for growth » (SFG) pour chaque individu étudié. De plus, le suivi en continu de ces paramètres sur des périodes de 3 heures a permis de déterminer les FTA (« feeding time activity ») et RTA (« Respiratory time activity ») et donc d'établir un SFG corrigé (SFGc), tenant compte des temps d'activité des animaux. Les résultats ont montré que les taux moyens de respiration et de filtration ne différaient pas entre les souches, mais que celles-ci présentaient des FTA et donc des SFGc significativement différents (la souche *C. angulata* présentant les valeurs les plus basses) (**article 27**) (figure 4). Ces résultats sont en concordance avec les données de croissance observées pour ces souches (voir ci-dessous).

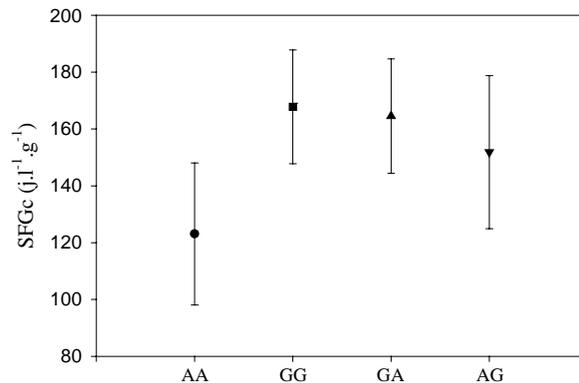


Figure 4 : “Scope for growth” corrigé (SFGc) pour les souches *C. angulata* (AA), *C. gigas* (GG) et leurs hybrides (AG et GA) (barres verticales = intervalle de confiance à 5%) (**article 27**).

#### 2.4.2 Etudes en condition de production

Parallèlement aux comparaisons réalisées « *in labo* », des comparaisons de performances ont été réalisées sur le terrain, dans des conditions proches de celles des productions ostréicoles. L’objectif était notamment de confirmer si *C. angulata* présentait des croissances plus faibles, comme établies par les comparaisons à partir des données temporelles et par de rares comparaisons directes. De plus, l’identification d’une souche de *C. gigas* plus performante que celle introduite au début des années 1970 en provenance de Colombie Britannique et du Japon représentait également un objectif de ces essais. Ces études ont été réalisées sur le banc de Ronce-Perquis dans le Bassin de Marennes-Oléron.

Quatre souches (deux taxons : *C. gigas* et *C. angulata*) d’origine européenne (France et Espagne) ou Asiatique (Japon et Taiwan) et 2 lots hybrides (*C. gigas* x *C. angulata*) ont été suivis durant 2 années. Les résultats montrent des performances de croissance et de survie de *C. gigas* supérieures à celles de *C. angulata* (**article 21**). De plus, pour chaque taxon, la souche européenne a présenté de meilleures performances que la souche asiatique, laissant supposer une adaptation de ces souches aux conditions locales depuis leur introduction.

### 2.4.3 Conclusions et perspectives

Malgré l'amélioration des structures et des conditions d'élevage en confinement, le testage de souches de *C. gigas* et/ou la caractérisation phénotypique d'autres espèces restent fortement contraints par les risques liés à l'introduction d'agents pathogènes. Comparativement à d'autres espèces d'intérêt économique, les informations disponibles restent donc très limitées. Il m'apparaît cependant peu probable que ces aspects se développent beaucoup dans les prochaines années du fait des contraintes mentionnées ci-dessus. Cependant, le développement de la cryopréservation des gamètes mâles et, à terme, d'embryons ou de larves, devrait ouvrir de nouvelles possibilités dans ce domaine. En effet, on peut espérer que ces techniques permettront la conservation et la diffusion de diversité génétique en limitant les risques de transferts d'agents pathogènes.

L'introduction de nouvelles souches ou espèces n'en reste pas moins d'un intérêt potentiel pour l'aquaculture, comme en témoigne la situation actuelle sur la côte est des USA. *C. virginica* étant sensible à deux agents pathogènes qui a très fortement réduit la production, l'introduction d'une autre espèce, à l'état diploïde ou mieux triploïde afin d'essayer de contrôler son impact dans les écosystèmes où elle sera introduite, est à l'étude depuis de nombreuses années. A l'heure actuelle, ce sont des triploïdes de *C. ariakensis*, espèce bien adaptée aux faibles salinités, qui sont à l'étude. Pour ce qui concerne la France, la « diversification » des espèces d'huîtres cultivées devrait, à mon sens, plus s'appuyer sur la relance de l'huître plate plutôt que sur l'introduction de nouvelles espèces.

La caractérisation phénotypique d'espèces ou de souches de *C. gigas* d'autres origines géographiques pourrait être utile pour l'introduction de variabilité génétique pour des caractères précis (ex. résistance à des maladies). Mais il est plus probable que le développement de populations ou de lignées sélectionnées pour des caractères d'intérêt (voir chapitre suivant) puisse contribuer à l'amélioration des productions. Les conditions de l'échange de ces ressources (protection du progrès génétique, risques zoosanitaires) devront être précisées (au niveau international) afin d'arriver à une réelle gestion de la diversité génétique chez *C. gigas*. La constitution d'un réseau structuré de gestion des ressources génétiques, comme il en existe pour les principales espèces agricoles, permettrait de coordonner les efforts initiés par quelques pays.

## **2.5 Variabilité, plasticité et base génétique des caractères quantitatifs chez *Crassostrea gigas***

*Crassostrea gigas*, malgré son importance en terme de production aquacole, est encore essentiellement génétiquement « sauvage », c'est à dire que les productions sont basées sur des souches « modelées » par la sélection naturelle et non par la domestication (comme dans la quasi totalité des productions agricoles et une proportion croissante des productions piscicoles). L'objectif des recherches est de déterminer (1) l'existence de variabilité génétique pour des caractères d'intérêt aquacole (2) les possibilités de sélection pour ces caractères, (3) les possibilités de mise en œuvre de programmes d'amélioration génétique.

Une caractéristique des huîtres est qu'elles présentent une très grande variabilité phénotypique. Cette variabilité résulte (1) de la grande plasticité de la plupart des caractères et (2) d'un polymorphisme présumé important des gènes qui codent pour ces caractères. Ces deux aspects rendent les études de génétique quantitative particulièrement intéressantes chez les huîtres, permettant notamment d'aborder les bases génétiques de la plasticité. Avant d'aborder la base génétique de ces caractères (et de leur plasticité), les travaux ont d'abord eu pour but de mieux décrire les variations phénotypiques pour ces caractères, étudiant plus particulièrement les corrélations dans le temps pour un même caractère et les corrélations entre caractères.

### 2.5.1 Etude de la variabilité de la croissance et de survie

La grande majorité des études portant sur la variabilité de la croissance ou de la survie des huîtres aborde ces caractères au niveau du groupe d'individus (lot, cohorte ou population). Une des raisons est sans doute que les élevages sont communément réalisés en poche, les études sont donc naturellement faites à ce niveau (ex. (Langdon *et al.*, 2003). Malgré la relative facilité du marquage individuel chez les huîtres (sauf aux stades précoces), relativement peu de travaux ont été réalisés à ce niveau. Des marquages individuels de bivalves ont été utilisés pour étudier la croissance, la reproduction et/ou la mortalité en fonction de facteurs de variation spatiale (Dolmer, 1998), temporelle (Bologna, 1998) ou de compétition (Brichette *et al.*, 2001). Des marquages individuels ont également été utilisés pour étudier les différences entre des bivalves sélectionnés et des témoins (Baud *et al.*, 1997). Une description plus fine de la variation pour des caractères relativement faciles à suivre au niveau individuel, tels que croissance et survie, restait cependant à faire avant d'aborder les

variations génétiques. Un autre caractère, beaucoup moins facile à étudier, l'aneuploïdie, a également été étudié.

#### 2.5.1.1 *Suivis en phases larvaire et naissain*

Une grande hétérogénéité de croissance existe chez les larves et le naissain de *C. gigas*. Ainsi, les écloséries commerciales pratiquent de manière quasi systématique l'élimination ou le tri (par tamisage) des larves et/ou du naissain présentant les plus faibles croissances afin d'obtenir des lots plus homogènes. Les huîtres présentant une très forte fécondité (20-40 millions d'ovocytes/saison de reproduction/femelle), l'élimination des larves ou du naissain les plus petits est d'autant plus « supportable » dans les pratiques de production. Les conséquences de ces pratiques, au delà de leur intérêt zootechnique (homogénéisation des lots), restaient mal connues. J'ai donc réalisé un certain nombre d'études visant à mieux comprendre les possibles conséquences de telles pratiques.

Une première expérience avait pour but principal de déterminer s'il existe une corrélation phénotypique entre croissance larvaire et croissance post larvaire. Un lot issu du croisement de 20 mâles et 20 femelles a été élevé sans aucun tamisage sélectif. Les larves pédivélégères ont été mises en fixation de manière à pouvoir suivre chaque cohorte. Les difficultés et limites de ce type d'expérimentation sont qu'il est impossible de faire un suivi individuel larve - naissain et que les conditions environnementales ne sont jamais réellement stables au cours du temps (d'où la difficulté de comparer des données acquises au fil du temps pour des cohortes successives de fixation). De plus, le suivi individuel des huîtres juste après fixation a nécessité la mise au point d'une méthode de fixation originale sur plaque, permettant d'éviter tout phénomène de compétition entre individus. Les résultats ont permis de montrer une corrélation positive entre vitesse de croissance larvaire et vitesse de croissance post-larvaire (jusqu'à 1 mois après fixation) (figure 6), ainsi que la mise en évidence d'effets à plus long terme (11 mois) (*article 5*). Suite à cette expérience, l'étude de la composition génétique de différentes cohortes de fixation a été initiée. Ces travaux, basés sur l'étude des cohortes issues d'un croisement entre 10 mâles et 3 femelles, est en cours.

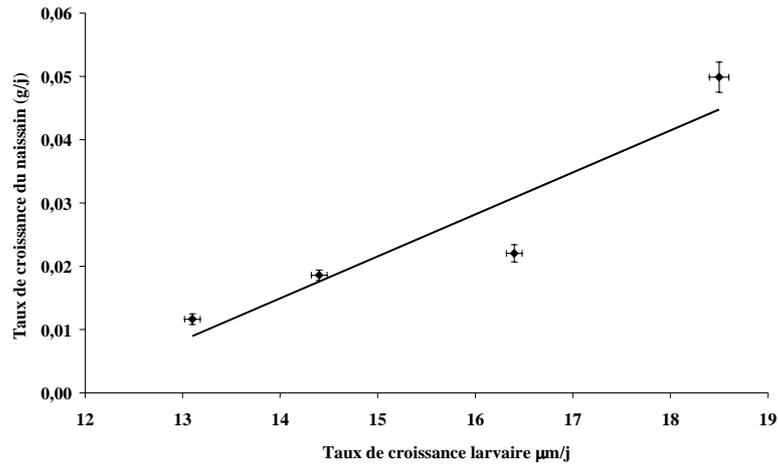


Figure 6 : Relation entre croissance larvaire et post-larvaire (moyenne  $\pm$  écart-type) pour 4 groupes de larves définis par tamisages successifs (*article 5*).

Une seconde expérience a été menée afin d'étudier les variations de croissance au cours du temps (notion de « croissance compensatrice ») et les relations entre croissance et mortalité chez le naissain (*article 32*). Le suivi individuel, durant une année, d'un millier d'huîtres âgées de 90 jours a permis de montrer que les individus présentant les taux de croissance les plus élevés durant les premières semaines de suivi conservaient cette supériorité au cours du temps. Cependant, cette conservation n'est que partielle (figure 7), les variations de conditions environnementales et l'existence d'interactions « genotype x milieu » permettant notamment d'expliquer ces variations. La corrélation entre la croissance à 3mois et le poids total à 9 mois est assez bonne ( $r^2 = 0.38$ ,  $p < 0.001$ ). D'autre part, le suivi des mortalités survenues au début de cette expérience a permis de montrer qu'une partie des individus voyait leur croissance nettement affectée avant de mourir alors que d'autres meurent sans diminution de croissance. Cela illustre la complexité (et sans doute les causes multiples) des événements de mortalité du naissain.

Globalement, l'efficacité d'une sélection pour la croissance en phase précoce pour la croissance apparaît relativement limitée mais reste à valider directement (voir ci-dessous les estimations d'héritabilités pour ces caractères).

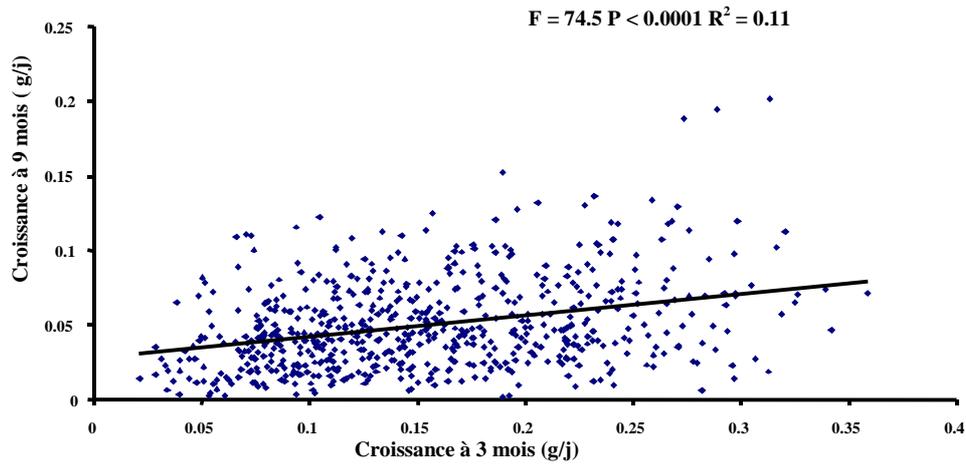


Figure 7 : corrélation entre la croissance du naissain à 3 mois (estimée de j91 à j126) et à 9 mois (estimée de j227 à j307) (*article 32*).

#### 2.5.1.2 Importance de la maîtrise des conditions trophiques

Une des complexités des expérimentations chez les huîtres est liée à la difficulté de contrôler aisément leur alimentation. Il est évidemment possible de mesurer individuellement durant un temps donné la quantité de nourriture ingérée (cf. les résultats de caractérisation de souches présentés ci-dessus), mais les équipements nécessaires et la difficulté de mise en œuvre limitent l'utilisation de tels équipements. La qualité de l'alimentation est encore plus difficile à aborder. La solution habituellement adoptée est de travailler en conditions « *ad libitum* », c'est à dire non limitante en nourriture. Ainsi, les effets de compétition entre individus sont supposés nuls (Baud *et al.*, 1997). La question devient plus difficile à traiter quand les conditions expérimentales sont moins bien maîtrisées (ex. milieu naturel) et/ou quand l'objectif de l'expérimentation est précisément d'étudier la variabilité génétique pour des caractères liés à l'acquisition des ressources (voir ci-dessous).

Nous avons d'abord réalisé des expérimentations ayant pour but de quantifier l'importance de la compétition sur la croissance au stade adulte, et plus précisément l'interaction entre la taille des animaux et l'effet de cette compétition. Des animaux de même âge mais de taille variable (de 6 à 40 g) ont été disposés dans 3 structures d'élevage avec des effectifs croissants par structure afin de faire varier la densité et donc la disponibilité en nourriture. Les suivis individuels de croissance de 1495 individus durant 3 mois ont permis de montrer que les petits individus voient leur croissance légèrement plus affectée que celle des gros individus en cas de conditions trophiques limitantes. Ces expérimentations seraient à poursuivre pour une gamme plus large de niveau trophique.

Au cours d'une autre expérience, visant à créer une pression sélective par la limitation de l'apport de nourriture au cours du développement larvaire, nous avons eu la surprise de constater que, durant les premiers jours d'élevage, les larves les moins nourries présentaient les meilleurs taux de croissance et de survie (soit l'inverse de l'effet désiré). Ces expériences nous ont amené à « réviser » nos pratiques d'élevage larvaire. L'effet négatif de l'apport alimentaire en début d'élevage larvaire est peut-être dû aux bactéries présentes dans les cultures de phytoplancton plutôt qu'au phytoplancton lui-même. De manière similaire, des expériences réalisées à très basse température (14°C) ont montré que l'apport de phytoplancton était alors néfaste à la survie larvaire.

Ces résultats montrent que l'impact des conditions environnementales sur la survie et la croissance, à la fois aux stades larvaire, naissain et adulte est souvent parfois difficile à prédire. Cela ne rend que plus difficile les interprétations qui peuvent être faites des variations phénotypiques et/ou génétiques observées chez les huîtres.

### 2.5.2 Un caractère « particulier » : l'aneuploïdie

L'aneuploïdie est, parmi les caractères sur lesquels j'ai été amené à travailler, à la fois le plus difficile et le plus intéressant. La difficulté vient essentiellement du fait qu'il s'agit d'un caractère nécessitant le sacrifice des individus, que le nombre d'individus étudiés est limité par le temps nécessaire à l'acquisition des données. Ce caractère, défini comme le pourcentage de cellules branchiales (bloquées en métaphase par un traitement à la colchicine) présentant un nombre de chromosomes inférieur à  $2n = 20$ , touche directement le génome d'une partie des cellules de ces individus. De plus, une forte instabilité du génome (phénomène de « réversion ») a également été observé chez les huîtres polyploïdes (Allen *et al.*, 2000). Les travaux auxquels j'ai collaboré ont porté sur (1) la relation aneuploïdie-croissance, (2) l'identification des chromosomes concernés par ce phénomène et (3) la recherche d'une éventuelle base génétique pour ce caractère.

Les résultats obtenus ont permis de confirmer la relation très nette entre aneuploïdie et croissance au sein de lots produits en éclosion, les individus à faible croissance présentant un taux d'aneuploïdie toujours plus élevé que ceux à fort taux de croissance (figure 8) (**article 12**). Cette différence, très nette au niveau individuel au sein d'une même cohorte, a également été observée en comparant des familles bi-parentales présentant des taux de croissance différents, suggérant une base génétique pour ce caractère (**article 13**). Les travaux visant à

montrer la transmission du caractère d'une génération à l'autre n'ont malheureusement pas donné de résultats concluants du fait des difficultés rencontrées pour caractériser les géniteurs utilisés pour générer les familles produites, mais les résultats ont confirmé l'existence de différences inter-familles. L'étude des bases génétiques de l'aneuploïdie, et plus précisément du caractère héritable de ce caractère, reste donc à poursuivre.

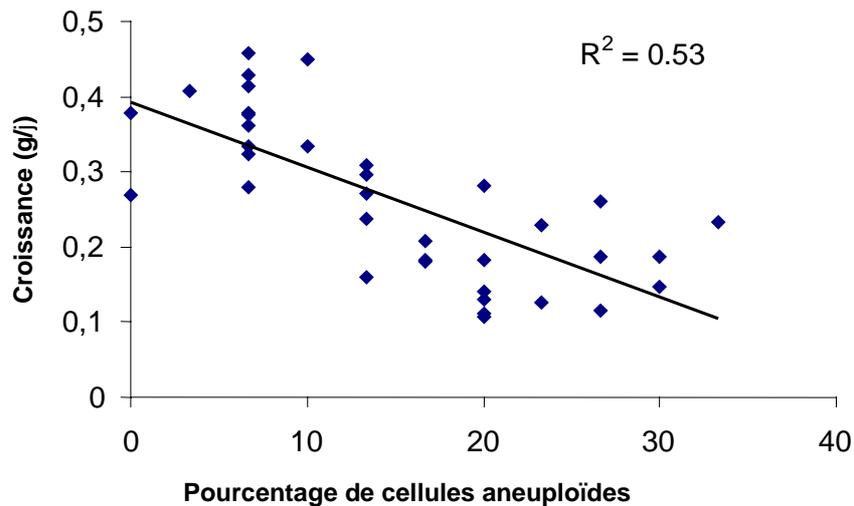


Figure 8 : relation individuelle entre taux de croissance et aneuploïdie (*article 12*).

Les causes de l'aneuploïdie et ses liens fonctionnels avec la croissance (causes communes ou conséquences) restent à explorer. Nous avons cependant pu montrer que le phénomène de perte chromosomique ne touche pas les chromosomes de manière aléatoire car les chromosomes des paires 1, 9 et 10 sont significativement les plus souvent manquants dans les cellules aneuploïdes (*article 14*). Des résultats récents du laboratoire ont montré que l'aneuploïdie peut être induite par l'exposition à des polluants tels que des herbicides (Bouilly *et al.*, 2003) et que les chromosomes affectés sont les mêmes que ceux manquant dans les cas d'aneuploïdie non induite (Leitao et Bouilly, pers. com.).

### 2.5.3 Bases génétiques de la croissance, de la survie et de l'effort reproducteur

L'étude des bases génétiques de la croissance, de la survie et de l'effort reproducteur a été abordée par l'estimation des héritabilités et des corrélations génétiques entre ces caractères. Ces travaux reposent sur la réalisation de plans de croisements factoriels et le suivi de différentes familles dans un ou (préféablement) plusieurs environnements. Jusqu'à présent, la grande majorité des résultats dans ce domaine a été obtenue par l'étude de familles élevées

séparément depuis la fécondation. Cependant, l'utilisation de marqueurs microsatellites (permettant les analyses de parenté et donc le tri de familles élevées en mélange) a été également abordée et des travaux sont en cours dans ce domaine.

#### *2.5.3.1 Bases génétiques de caractères aux stades larvaire et post-larvaire*

L'héritabilité et les corrélations génétiques entre plusieurs caractères de développement précoce (croissance et survie larvaires, taille et âge à la fixation, taux de fixation, survie et croissance du naissain) ont été étudiées sur un ensemble de familles issues d'un croisement factoriel entre 6 mâles et 24 femelles (4 femelles/mâle). Malgré les limitations liées essentiellement aux contraintes expérimentales (nombre de familles, absence de réplicats...), les résultats se sont avérés très intéressants, permettant notamment de déterminer les caractères pour lesquels la variation est significativement héritable (survie larvaire, taux de développement larvaire, taille et succès à la fixation) et de révéler des corrélations génétiques négatives (« trade-offs») entre certains caractères (taux de développement et taille à la métamorphose, d'une part, et succès à la métamorphose, d'autre part) (*article 29*). La variabilité génétique observée paraît distribuée entre deux « stratégies » extrêmes : certains génotypes présentent des taux de croissance larvaires et des tailles élevées à la métamorphose mais cela implique un coût en terme de succès à la métamorphose de croissance et de survie après fixation. A l'opposé, certains génotypes présentent des taux de croissance larvaire plus faibles, ils fixent plus tard et à de plus petites tailles. Cependant, leurs succès à la métamorphose, leur croissance et survie après fixation sont supérieurs. L'hétérogénéité environnementale et/ou les corrélations génétiques négatives entre caractères permettent d'expliquer pourquoi ces différentes « stratégies » co-existent. Ces données apparaissent en désaccord avec celles observées précédemment sur la corrélation phénotypique positive entre croissances larvaire et post-larvaire. Des travaux sont actuellement en cours pour approfondir ces questions.

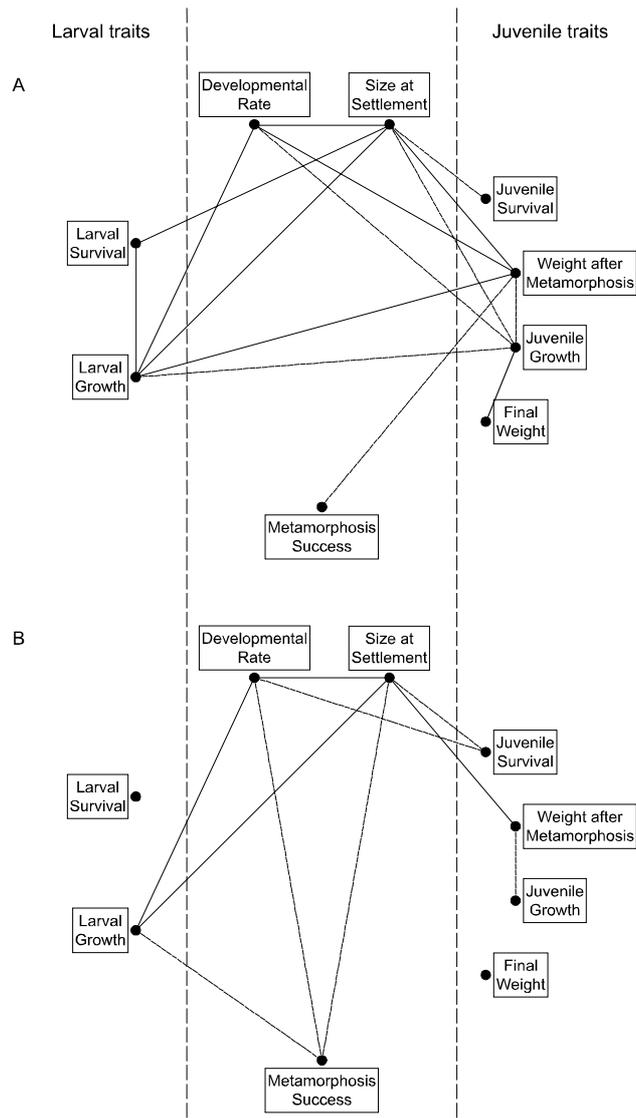


Figure 9 : corrélations génétiques sens large (A) et sens strict (B) entre caractères de développement précoce. Les corrélations positives sont figurées en trait plein et les corrélations négatives en trait pointillé (*article 29*).

### 2.5.3.2 Bases génétiques de caractères aux stades naissain et adulte

Suivant le même type de plan expérimental (croisements factoriels hiérarchisés par les mâles), l'estimation de l'héritabilité des caractères étudiés aux stades naissain et adulte a également été entreprise.

Dans un premier temps, 15 familles (5 mâles croisés chacun avec 3 femelles) ont été étudiées en conditions contrôlées et naturelles présentant des conditions trophiques contrastées. L'objectif était ici d'estimer non seulement l'héritabilité des caractères étudiés, mais

également l'héritabilité de leur plasticité. L'étude conjointe de la croissance, la survie et l'effort reproducteur s'est avéré particulièrement riche d'enseignement (*article 34*). D'un point de vue phénotypique, l'augmentation des apports en nourriture (entre milieu « pauvre » et milieu « riche ») s'est traduite par une diminution de la survie mais une augmentation de la croissance et de l'effort reproducteur. Les estimations d'héritabilité donnent des valeurs relativement faibles pour la croissance et sa plasticité mais des valeurs élevées pour la survie et la plasticité de l'effort reproducteur. Le signe des corrélations génétiques entre effort reproducteur d'une part et survie et croissance d'autre part, change en fonction de l'environnement (négative en milieu pauvre et positive en milieu riche). La corrélation génétique entre plasticité de l'effort reproducteur (d'une part) et croissance et survie (d'autre part) est significativement positive. Ces résultats montrent l'intérêt des approches multi-caractères, particulièrement quand ceux-ci sont liés à l'allocation d'une même ressource. Le signe de certaines corrélations génétiques apparaissant variables selon l'environnement, cela permet le maintien d'un polymorphisme génétique important pour ces caractères dans un environnement variable (dans le temps ou dans l'espace). Ces changements de signe de certaines corrélations génétiques montrent la difficulté de prédire les réponses corrélative en cas de sélection pour un caractère donné.

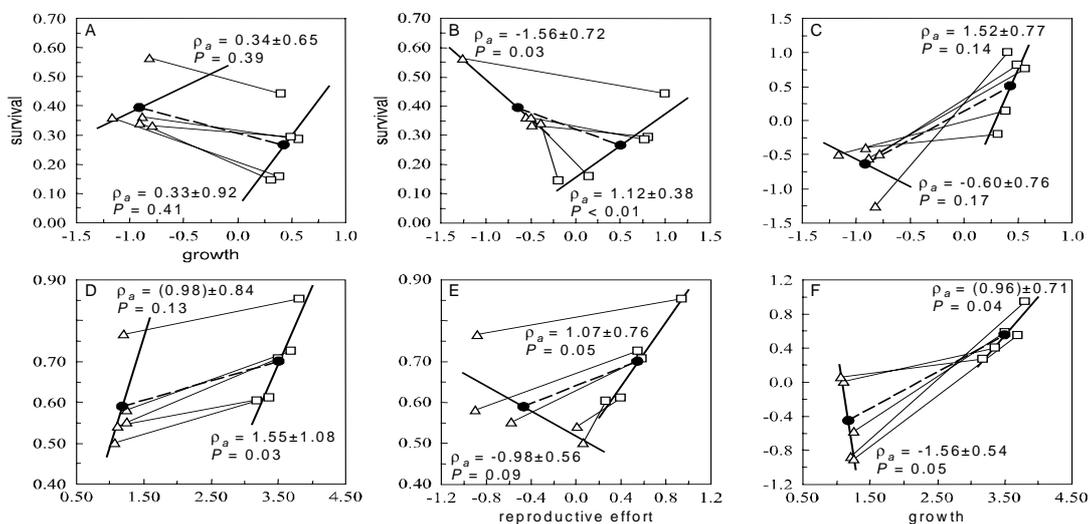


Figure 10 : Plasticité des corrélations génétiques entre croissance, effort de reproduction et survie. A,B et C : données acquises en conditions contrôlées (Station IFREMER de Bouin) ; D, E et F : données acquises en conditions « naturelles » (CREMA, IFREMER-CNRS, L'Houmeau) (*article 34*).

Dans un second temps, 45 familles issues de 3 séries de croisements (chaque série étant constituée comme précédemment) ont été produites avec pour objectif principal d'étudier la possibilité de sélectionner pour une meilleure survie du naissain au cours de la période estivale. Ces familles ont été suivies dans 3 sites (Stations IFREMER de La Trinité, Port en Bessin et La Tremblade) présentant des taux de survie contrastés. Les résultats obtenus ont confirmé des valeurs élevées de l'héritabilité de la survie ( $0,81 \pm 0,29$ ) et une valeur plus faible pour la croissance ( $0,31 \pm 0,15$ ). Une seconde génération, obtenue par sélection divergente des « meilleures » et des « moins bonnes » familles en terme de survie a été obtenue en croisant (croisements consanguins et non consanguins) des individus de première génération n'ayant pas subi de mortalité (sélection strictement familiale). Les résultats ont permis d'estimer l'héritabilité réalisée du caractère ( $0,59 \pm 0,29$ ) et l'absence de réponse corrélative sur la croissance. Les valeurs d'héritabilité obtenues sont du même ordre de grandeur pour la lignée « haute » ( $0,75$ ) et pour la lignée « basse » ( $0,71$ ). Une troisième génération, réalisée en 2003, confirme ces résultats. Ces résultats confirment la forte héritabilité de la survie du naissain d'écloserie et donc la possibilité de sélectionner pour améliorer la survie. Par contre, les résultats obtenus pour le rendement (croissance x survie) confirme une forte interaction « génotype x milieu » pour ce caractère. En effet, le rendement est la résultante de la survie et de la croissance, les décompositions de la variance du rendement montrent des variations importantes des contributions de la survie et de croissance entre sites.

Ces travaux ont également permis de mettre à disposition un matériel intéressant pour la caractérisation physiologique et immunologique de familles « résistantes » et « sensibles » (dans le cadre du défi « MOREST »). L'objectif est notamment d'essayer d'expliquer les causes des mortalités observées afin d'apporter des propositions d'amélioration.

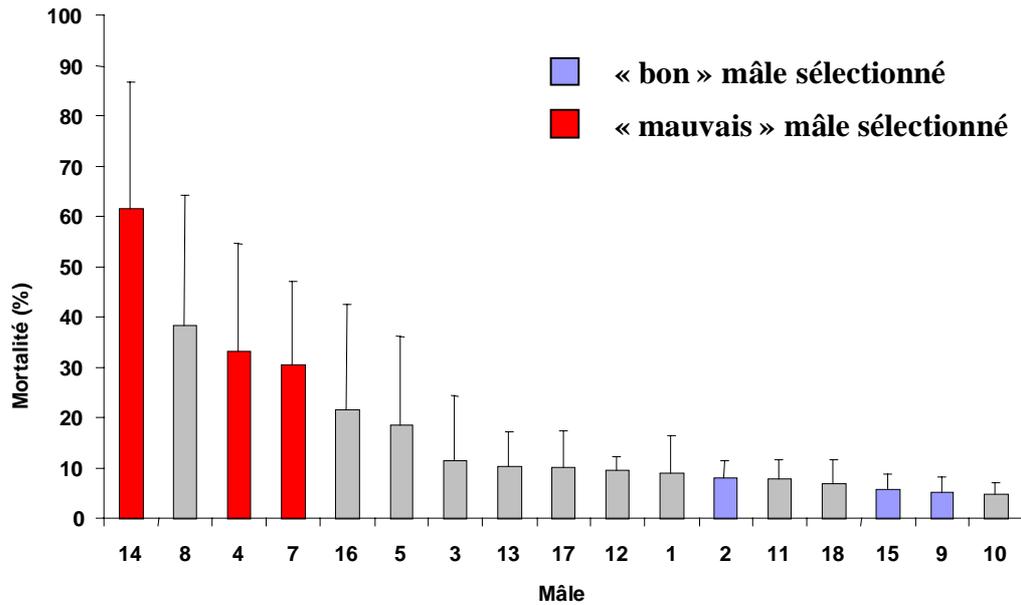


Figure 10 : survie moyenne et écart-types des 17 familles de demi-frère. Familles de demi-frère sélectionnées pour la seconde génération (sélection divergente) : lignée « base » : 14, 4 et 7 ; lignée « haute » : 2, 15 et 9 (source : thèse de L. Dégremont).

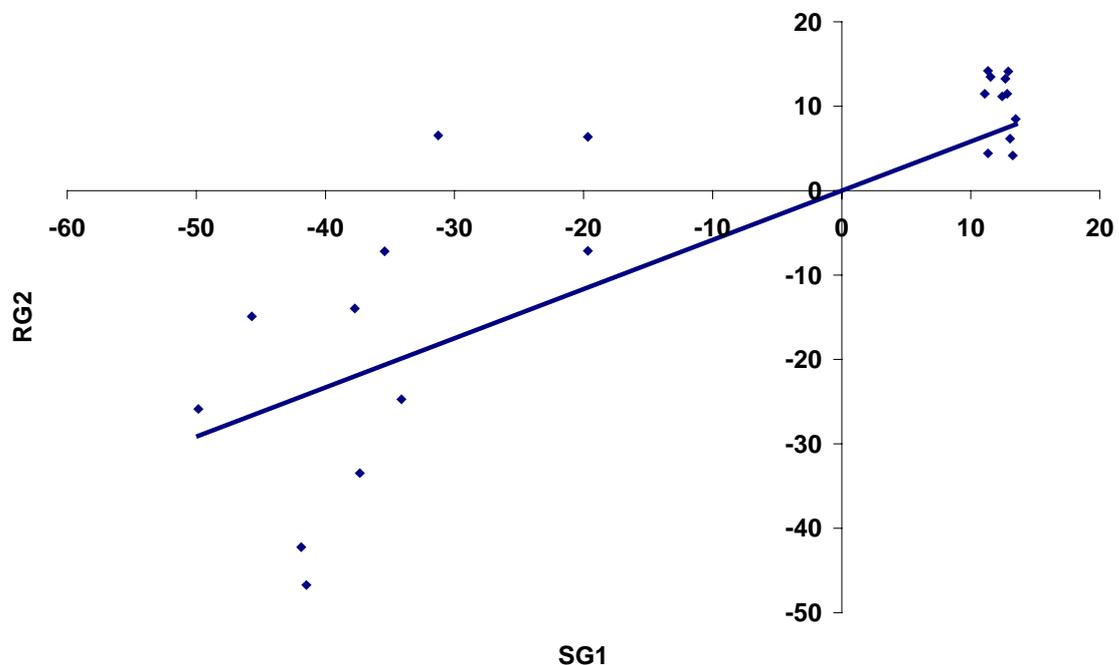


Figure 11 : Régression parent moyen – enfant moyen des lots issus de la sélection divergente sur le site de La Tremblade (SG1 : écart à la sélection, RG2 : réponse à la sélection) (source : thèse de L. Dégremont).

#### 2.5.4 Conclusions et perspectives

L'ensemble des informations recueillies concernant la variabilité et les bases génétiques des caractères quantitatifs d'intérêt chez *C. gigas* apporte des éléments pour (1) la mise en place de programmes de sélection et (2) la compréhension des phénomènes sélectifs en populations naturelles. Ainsi, en prolongement de ces travaux, les recherches s'orientent aujourd'hui vers :

- l'estimation des paramètres génétiques sur des familles élevées en mélange,
- l'utilisation de marqueurs génétiques pour l'étude des bases moléculaires des variations observées,
- l'étude des pressions sélectives liées à l'exploitation des populations.

##### 2.5.4.1 Estimation des paramètres génétiques sur des familles en mélange

Les travaux menés ces dernières années pour l'estimation des paramètres génétiques chez *C. gigas* ont été basés sur l'étude de familles bi-parentales produites selon des schémas de croisement hiérarchisés par les mâles. Le développement de marqueurs microsatellites chez *C. gigas* ((Li *et al.*, 2003 ; Magoulas *et al.*, 1998 ; Sekino *et al.*, 2003) **article 9**), particulièrement variables chez cette espèce, nous permet aujourd'hui d'envisager des approches « en mélange », c'est à dire avec identification *a posteriori* des liens de parentés entre individus élevés ensemble. Cette méthode se développe aujourd'hui assez largement en génétique des poissons (Dupont Nivet *et al.*, 2002; Fishback *et al.*, 2002 ).

La faisabilité technique de cette approche a été démontrée chez *C. gigas* à une relativement petite échelle (croisement 5 mâles x 5 femelles), mettant en évidence des forts déséquilibres des contributions parentales et des compétitions gamétiques entre mâles (**article 16**). Elle se poursuit actuellement dans l'étude de la variabilité génétique pour les caractères de développement précoce (stades larvaires et post-métamorphose). L'objectif est ici de pouvoir étudier l'impact génétique des pratiques d'élevage intensif en éclosérie, à la fois en terme de dérive génétique, mais également de pressions sélectives liées aux conditions d'élevage, éléments d'une réelle domestication de l'espèce. Cette approche sous-entend de pouvoir réaliser ou faire réaliser à grande échelle (plusieurs milliers d'individus) des typages pour plusieurs marqueurs microsatellites. Sa mise en œuvre sera favorisée par la mise au point du « multiplexage » (amplification PCR simultanée de plusieurs locus) et l'utilisation de séquenceurs permettant des génotypages en « haut débit ».

#### 2.5.4.2 Utilisation des marqueurs génétiques en sélection

Au delà des possibilités d'assignations de parenté par microsatellites, l'utilisation de marqueurs génétiques ouvrent plusieurs approches pour étudier les bases moléculaires des variations phénotypiques :

- Approche « QTL », adaptée pour les caractères quantitatifs mesurables au niveau individuel. L'établissement de familles ségrégeantes et une bonne maîtrise des phénotypes individuels sont nécessaires à la réussite de ce type d'approche.
- Approche « BSA » ou « SSH », adaptée pour les caractères qualitatifs mesurables au niveau individuel. Une bonne maîtrise des phénotypes individuels (ex. sensible / résistant) est nécessaire à la réussite de ce type d'approche.
- Approche « gène candidat », adaptée dans le cas où les gènes impliqués dans les caractères étudiés sont connus (ou au moins présumés).

L'approche « gène candidat » est en cours en collaboration avec diverses équipes. Les travaux sur le polymorphisme de l'amylase (*article 30*) ont notamment permis de mettre en évidence des effets sélectifs aux stades précoces pour un des deux gènes. L'étude du polymorphisme des gènes codant pour des métallothionéines (*articles 25 et 31*) également permis de rechercher des effets de la sélection liée aux polluants de type métaux lourds. De même, les mortalités estivales de naissain de familles ségrégeant pour des allèles d'un exon du gène de la Phosphoglucomutase (PGM) affectent de manière différentielle les génotypes, laissant supposer la non neutralité de ce marqueur (Tanguy *et al.*, soumis). A la vue de ces résultats, ces marqueurs, et ceux qui seront prochainement développés, devraient pouvoir être utilisés dans des programmes expérimentaux de sélection. Les caractères pour lesquels une sélection assistée par marqueur a le plus d'intérêt sont ceux dont la mesure individuelle est longue ou difficile à réaliser (ex. résistance de l'huître plate à la bonamiose ; effort reproducteur chez l'huître creuse). Mais c'est pour ces caractères que la recherche et la validation de tels marqueurs est la moins aisée (du fait de la difficulté de bien caractériser phénotypiquement des individus). Ces travaux nécessitent donc (1) le développement d'un matériel biologique spécifiquement adapté (familles ségrégeantes ou sélectionnées - les techniques de cryo-préservation de gamètes mâles et, à plus long terme, d'embryons, permettront la conservation et une gestion plus facile et plus sûre de ce matériel) et (2) la mise au point de méthodes de caractérisation de ces individus (en physiologie et immunologie notamment).

D'autre part, une carte de liaison basée sur une centaine de marqueurs microsatellites sera prochainement publiée pour *C. gigas* (Hedgecock, pers. com.). Une carte basée sur des marqueurs de type AFLP et RAPD est également en cours de développement pour cette espèce (Li et Guo, 2002). Diverses collaborations devraient, à court ou moyen terme, permettre (1) le développement d'un grand nombre de marqueurs de type SNPs et, (2) l'établissement d'une carte de plusieurs centaines de marqueurs. La base de données d'ESTs d'hémocytes activés par l'injection de *Vibrio* pathogènes (GigasBase, (Gueguen *et al.*, 2003)) représente notamment une excellente source de marqueurs. On peut espérer que ces éléments seront établis en commun et libres d'utilisation, suivant les exemples donnés par la communauté scientifique travaillant sur *Arabidopsis thaliana*. Ils deviendront alors un outil de référence pour l'ensemble de la communauté scientifique travaillant sur les huîtres, notamment dans le domaine de l'amélioration génétique. Les outils génomiques faciliteront alors grandement l'identification de gènes d'intérêt chez *C. gigas*, et donc leur utilisation dans des programmes de sélection assistée par marqueurs. Ils nécessitent la mise en place progressive de moyens d'analyse et de traitement des données (bio-informatique).

Une approche de génomique évolutive pourrait également être entreprise au sein du genre *Crassostrea* pour certains ESTs afin d'identifier ceux qui sont potentiellement impliqués dans l'évolution du génome. Plusieurs paramètres statistiques (ex. D de Tajima, HKA et les tests de McDonald-Kreitman) permettent d'estimer si une portion donnée du génome évolue de manière neutre ou non (Yang et Bielawski, 2000). Dans le cas des relations *Vibrio* pathogènes / *C. gigas*, le polymorphisme des gènes impliqués dans la réponse spécifique de l'hôte pourrait par exemple permettre d'estimer si les *Vibrio* pathogènes de *C. gigas* représentent une pression de sélection significative pour cette espèce. Une approche expérimentale plus directe est également envisagée.

#### 2.5.4.3 Evolution des populations exploitées

Suite à la disparition de *C. angulata* à la fin des années 1960 et à la « colonisation » très rapide par *C. gigas* des sites propices à sa reproduction des huîtres creuses en France (principalement les bassins d'Arcachon et de Marennes-Oléron), les populations de *C. gigas* ont été l'objet d'une exploitation intense. L'objectif est de déterminer si cette exploitation s'est accompagnée ou non d'une évolution génétique des populations (par sélection de certains génotypes au sein de la variabilité existante), ou si la grande plasticité phénotypique de ces huîtres permet d'expliquer à elle seule les variations en terme de taux de croissance et

d'effort reproducteur. En effet, malgré les variations de biomasse dans ces bassins (liées notamment à l'épizootie qui a touché *C. angulata*) et les variations climatiques au cours de ces dernières décennies, les résultats acquis à ce jour sur le polymorphisme génétique de la survie, la croissance et l'effort reproducteur chez *C. gigas* permettent d'aborder la question de l'évolution de ces caractères dans les populations de *C. gigas* depuis son introduction en France. L'objectif est de déterminer si la sélection naturelle, face aux pratiques ostréicoles (tris en fonction de la taille, « récolte » des individus ayant atteint la taille commercialisable), a ou non eu tendance à favoriser la reproduction de génotypes à reproduction précoce et/ou à croissance lente. De manière similaire aux études d'évolution des populations de poissons en réponse aux pressions sélectives liées à la pêche, nous utiliserons les données disponibles (séries temporelles concernant les performances phénotypiques et les conditions environnementales) pour les deux principaux bassins ostréicoles (Arcachon et Marennes-Oléron) afin d'étudier l'évolution des normes de réaction pour des caractères liés à la fitness.

## **2.6 Conclusion générale**

Les ressources génétiques des espèces marines d'intérêt pour l'aquaculture restent globalement mal connues, en comparaison avec celles des espèces d'intérêt agricole d'importances économiques similaires. Ces connaissances limitées sont souvent liées au fait que la maîtrise de leur reproduction est le plus souvent récente. Ainsi, les efforts de recherche ont d'abord porté sur l'optimisation des méthodes de production, puis éventuellement sur la mise au point de schémas d'amélioration par la sélection au sein des stocks en élevage. Si le choix de nouvelles espèces pour l'aquaculture est parfois abordé, relativement peu d'efforts ont été portés vers l'étude des ressources génétiques des espèces, notamment du fait des difficultés expérimentales liées à la caractérisation phénotypique de ces ressources et/ou à la différenciation génétique des populations souvent supposée faible. Ainsi, chez *C. gigas*, les travaux d'Imai et Sakai (1961) n'ont par exemple malheureusement pas mené à d'autres études comparatives de ces souches ni à leur conservation.

Pour les espèces exploitées hors de leur aire naturelle de répartition, comme c'est le cas de *C. gigas*, les risques de perte de diversité génétique, voir de consanguinité, ont mené à des études de diversité à l'aide de marqueurs génétiques. Les risques de diffusion d'agents pathogènes ont souvent fortement limité les possibilités d'introduction de diversité génétique

(par exemple, chez les crevettes pénéides : **article 36**). Les populations « sources » ont été le plus souvent choisies en fonction de critères d'ordre pratiques, sans qu'une réelle évaluation du potentiel des populations sources possibles soit réalisé. Ce fut le cas lors de l'introduction de *C. gigas* en France. Heureusement (d'un point de vue génétique), cette introduction fut massive et la variabilité génétique présente dans les populations fut très large. Une gestion de la diversité génétique sera nécessaire quand des programmes de sélection, impliquant la « fermeture » des populations en sélection se mettront en place. La forte variance du succès reproduction chez *C. gigas* et ses conséquences sur les tailles efficaces de ces populations (**article 16**) rendront cette gestion particulièrement nécessaire.

L'évolution des populations suite aux introductions *C. gigas* et *C. angulata* (adaptation aux conditions environnementales locales et/ou domestication) reste mal connue. La dérive génétique a été apparemment très faible ou nulle. Nos résultats indiquent que les populations européennes se seraient adaptées aux conditions locales mais ils demandent à être complétés et confirmés par d'autres études de comparaison de souches de diverses origines. A terme, la cryo-préservation des gamètes pourrait s'avérer précieuse pour suivre ces évolutions.

En vue d'une amélioration génétique de *C. gigas*, il m'apparaît important de mieux définir les différences entre les pressions de sélection naturelle et celles qui serait liées à la production. En effet, les stocks en élevage sont dans des conditions relativement similaires à celles des populations sauvages, et donc soumis à des pressions sélectives également similaires. Par contre, la reproduction en écloserie introduit des différences plus importantes en phase précoces mais aussi d'un point de vue temporel (le naissain pouvant être produit à des périodes différentes de celle de reproduction naturelle). Ces différences expliqueront peut-être pourquoi autant de variance génétique est observée pour des caractères liés à la « fitness », comme la survie du naissain en période estivale. La possible coexistence, dans un futur plus ou moins proche, de populations sélectionnées et de populations « sauvages » posera également la question de leur interactions, de manière similaire à beaucoup d'autres espèces. Cependant, il est vraisemblable que les populations améliorés seront diffusées à l'état triploïde, ce qui limitera très fortement ces interactions génétiques.

Finalement, les avancées récentes en biologie moléculaire (génomique, protéomique...) ouvrent de nombreuses nouvelles perspectives pour étudier la variabilité phénotypique et caractériser les ressources génétiques. Nous sommes dans une phase de mise au point de

nouveaux outils dans ce domaine et leur application pour l'amélioration génétique de *C. gigas* reste à entreprendre puis à valider. Ces travaux devraient prendre une part de plus en plus importante dans les recherches à venir mais ne pourront être appliquées en sélection que si l'ensemble des activités liées à l'amélioration génétique des huîtres se développe.

## 2.7 Références bibliographiques

- Allen, S.K., Howe, A., Gallivan, T., Guo, X., Debrosse, G., Zhang Q. (2000). Chromosome set instability in triploids of the genus *Crassostrea*. Actes de colloque »AQUA2000«, Nice 2-6 mai 2000.
- Baud, J.P., Gérard, A., Naciri-Graven, Y., 1997. Comparative growth and mortality of *Bonamia ostreae*-resistant and wild flat oysters, *Ostrea edulis*, in an intensive system. I. First year of experiment. *Mar.Biol.* 130, 71-79.
- Bologna, P.A.X., 1998. Growth, production, and reproduction in bay scallops *Argopecten irradians concentricus* (Say) from the northern Gulf of Mexico. *Journal of Shellfish Research* 17, 911-917.
- Bougrier, S., Tige, G., Bachere, E., Grizel, H., 1986. *Ostrea-angasi* acclimatization to french coasts. *Aquaculture* 58, 151-154.
- Bouilly, K., Leitao, A., McCombie, H., Lapegue, S., 2003. Impact of atrazine on aneuploidy in Pacific oysters, *Crassostrea gigas*. *Environmental Toxicology and Chemistry* 22, 219-223.
- Brichette, I., Reyero, M.A., Garcia, C., 2001. A genetic analysis of intraspecific competition for growth in mussel cultures. *Aquaculture* 192, 155-169.
- Buroker, N.E., Hershberger, W.K., Chew, K.K., 1979. Population genetics of the family Ostreidae. I. Intraspecific studies of *Crassostrea gigas* and *Saccostrea commercialis*. *Mar.Biol.* 54, 157-169.
- Dolmer, P., 1998. Seasonal and spatial variability in growth of *Mytilus edulis* L. in a brackish sound: comparisons of individual mussel growth and growth of size classes. *Fisheries Research* 34, 17-26.
- Dupont Nivet, M., Vandeputte, M., Chevassus, B., 2002. Optimization of factorial mating designs for inference on heritability in fish species. *Aquaculture* 204, 361-370.
- Durve, V.S., 1986. On the ancestry and distribution pathways of 3 species of indian oysters. *Indian Journal of Marine Sciences* 15, 56-58.
- Fishback, A.G., Danzmann, R.G., Ferguson, M.M., Gibson, J.P., 2002. Estimates of genetic parameters and genotype by environment interactions for growth traits of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) as inferred using molecular pedigrees. *Aquaculture* 206, 137-150.
- Gaffney, P.M., Allen, S.K.J., 1993a. Hybridization among *Crassostrea* species: a review. *Aquaculture* 116, 1-13.
- Gaffney, P.M., Allen, S.K., 1993b. Hybridization among *Crassostrea* species - a review. *Aquaculture* 116, 1-13.
- Gouletquer, P., Héral, M., 1997. Marine molluscan production trends in France: from fisheries to aquaculture. U.S. Dep. Commer., NOAA, pp. 137-164.
- Gueguen, Y., Cadoret, J.P., Flament, D., Barreau Roumiguiere, C., Girardot, A.L., Garnier, J., Hoareau, A., Bachere, E., Escoubas, J.M., 2003. Immune gene discovery by expressed sequence tags generated from hemocytes of the bacteria-challenged oyster,

*Crassostrea gigas*. Gene 303, 139-145.

- Harry, H.W., 1985. Synopsis of the supraspecific classification of living oysters (Bivalvia, Gryphaeidae and Ostreidae). *Veliger* 28, 121-158.
- Ignacio, B.L., Absher, T.M., Lazoski, C., Solé-Cava, A.M., 2000. Genetic evidence of the presence of two species of *Crassostrea* (Bivalvia: Ostreidae) on the coast of Brazil. *Marine Biology* 136, 987-991.
- Imai, T., Sakai, S., 1961. Study of breeding of Japanese oyster, *Crassostrea gigas*. *Tohoku Journal of Agricultural Research* 12, 125-171.
- Langdon, C.J., Evans, F., Jacobson, D., Blouin, M., 2003. Yields of cultured Pacific oysters *Crassostrea gigas* Thunberg improved after one generation of selection. *Aquaculture* 220, 227-244.
- Li, G., Hubert, S., Bucklin, K., Ribes, V., Hedgecock, D., 2003. Characterization of 79 microsatellite DNA markers in the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Molecular Ecology Notes* 3, 228-232.
- Li, I., Guo, X., 2002. A preliminary linkage map for the Pacific oyster *Crassostrea gigas* constructed with AFLP and RAPD markers. *Journal of Shellfish Research* 21, 433.
- Littlewood, D.T.J., 1994. Molecular Phylogenetics of Cupped Oysters Based on Partial 28S rRNA Gene Sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 3, 221-229.
- Magoulas, A., Gjetvaj, B., Terzoglou, V., Zouros, E., 1998. Three polymorphic microsatellites in the Japanese oyster *Crassostrea gigas* (Thunberg). *Animal Genetics* 29, 69-70.
- Mathers, N.F., Wilkins, N.P., Walne, P.R., 1974. Phosphoglucose isomerase and esterase phenotypes in *Crassostrea angulata* and *C. gigas*. *Biochem.Syst.Ecol.* 2, 93-96.
- Mattiucci, S., Villani, F., 1983. Allozyme study in oysters classified as *Crassostrea gigas* (Thunberg, 1793) and *Crassostrea angulata* (Lamarck, 1819) (Mollusca: Ostreidae). *Parasitologia* 25, 21-27.
- Menzel, R.W., 1974. Portuguese and Japanese oysters are the same species. *Journal Fisheries Research Board of Canada* 31, 453-455.
- Naciri-Graven, Y., Martin, A.G., Baud, J.P., Renault, T., Gérard, A., 1998. Selecting the flat oyster *Ostrea edulis* (L.) for survival when infected with the parasite *Bonamia ostreae*. *J.Exp.Mar.Biol.Ecol.* 224, 91-107.
- Ofoighil, D., Gaffney, P.M., Wilbur, A.E., Hilbish, T.J., 1998. Mitochondrial cytochrome oxidase I gene sequences support an Asian origin for the Portuguese oyster *Crassostrea angulata*. *Mar.Biol.* 131, 497-503.
- Ranson, G., 1948. Prodissoconques et classification des ostréides vivants. *Bulletin du Musée d'Histoire Naturelle de Belgique* 24, 1-12.
- Ranson, G., 1960. Les prodissoconques (coquilles larvaires) des ostréidés vivants. *Bulletin de l'Institut Océanographique de Monaco* 1, 1-41.
- Sekino, M., Hamaguchi, M., Aranishi, F., Okoshi, K., 2003. Development of novel microsatellite DNA markers from the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Marine Biotechnology* 5, 227-233.
- Stenzel, H.B., 1971. Oysters. In: Moore, K.C. (Ed.), *Treatise on invertebrate paleontology*. Geological Society of America Inc. and the University of Kansas, Boulder, Colorado, pp. N953-N1224.
- Thiriou-Quévèreux, C., 2002. Review of the literature on bivalve cytogenetics in the last ten years. *Cahiers de Biologie Marine* 43, 17-26.
- Xiang-JH, Y.-Z.K.-X.Z.-L.G.-X., 2003. Taxonomic status of four *Crassostrea* oysters from China as inferred from mitochondrial DNA sequences. *Journal-of-Shellfish-*

Research. Jun 2003; 22 (1) : 31-38.

Yang, Z.H., Bielawski, J.P., 2000. Statistical methods for detecting molecular adaptation. *Trends in Ecology and Evolution* 15, 496-503.

Yu, Z., Guo, X., 2003. Genetic linkage map of the Eastern oyster *Crassostrea virginica* Gmelin. *Biological Bulletin* 204, 327-338.

Yu, Z., Kong, X., Zhang, S., Guo, X., Xiang, J., 2003. Taxonomic status of four *Crassostrea* oysters from China as inferred from mitochondrial DNA sequences. *Journal of Shellfish Research* 22, 31-38.

### **3 LISTE DES PUBLICATIONS ET COMMUNICATIONS**

(depuis la thèse : 1994)

#### **3.1 Publications**

1. Van Dijk H, Boudry P, McCombie H, Vernet P (1997). Flowering time in wild beet (*Beta vulgaris* ssp. *maritima*) along a latitudinal cline. *Acta Oecologia* 18 (1): 47-60.
2. Boudry P, Heurtebise S, Collet B, Cornette F, Gérard A (1998). Differentiation between populations of the Portuguese oyster, *Crassostrea angulata* (Lamark) and the Pacific oyster, *Crassostrea gigas* (Thunberg), revealed by mtDNA RFLP analysis. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* 226: 279-291.
3. Cochenec N, Renault T, Boudry P, Cholet B, Gérard A (1998). Bonamia-like in the Suminoe oyster, *Crassostrea rivularis* (Gould) reared in France. *Diseases of Aquatic Organisms* 34:193-197.
4. Desplanque B., Boudry P, Broomberg K, Saumitou-Laprade P, Cuguen J, H. Van Dijk (1999). Genetic diversity and gene flow between wild, cultivated and weedy forms of *Beta vulgaris* L. (Chenopodiaceae), assessed by RFLP and microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 98(8): 1194-1201.
5. Collet B, Boudry P, Thebault A, Heurtebise S, Morand B, Gérard A (1999). Relationship between pre- and post settlement growth in the Pacific oyster *Crassostrea gigas* (Thunberg). *Aquaculture* 175 (3-4): 215-226.
6. Leitão A, Boudry P, Labat JP, Thiriote-Quévieux C (1999). Comparative karyological study of cupped oyster species. *Malacologia* 41 (1) : 175-186.
7. Leitão A, Thiriote-Quévieux C, Boudry P, Malheiro I (1999). G-chromosome banding study of three species of cupped oysters. *Genetics, Selection and Evolution* 31: 519-527.
8. Goulletquer P, Wolowicz M, Latala A, Geairon P, Huvet A, Boudry P (1999). Comparative analysis of oxygen consumption rates between cupped oyster spat of *Crassostrea gigas* of French, Spanish, Japanese and Taiwanese origins. *Aquatic Living Resources* 12(4): 271-277.
9. Huvet A, Boudry P, Ohresser M, Delsert C, Bonhomme F (2000). Variable microsatellites in the Pacific cupped oyster *Crassostrea gigas* and other cupped oyster species. *Animal Genetics* 31: 71-72.
10. Mitta G, Hubert F, Dyrzynda E, Boudry P, Roch P (2000). Mytilin B and MGD2, two antimicrobial peptides of marine mussels: gene structure and expression analysis. *Developmental and Comparative Immunology* 24: 381-393.
11. Huvet A, Lapègue S, Magoulas A, Boudry P (2000). Mitochondrial and nuclear DNA phylogeography of *Crassostrea angulata*, the Portuguese oyster endangered in Europe. *Conservation Genetics* 1(3): 251-262.
12. Leitão A, Boudry P, Thiriote-Quévieux C (2001). Negative correlation between aneuploidy and growth in the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*: ten years of evidence. *Aquaculture*: 193: 39-48.

13. Leitão A, Boudry P, McCombie H, Gérard A, Thiriot-Quévieux C (2001). Experimental evidence for a genetic basis of differences in aneuploidy level observed in the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*). *Aquatic Living Resources* 14: 233-237.
14. Leitão A, Boudry P, Thiriot-Quévieux C (2001). Evidence of differential chromosome loss in aneuploid karyotypes of the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Genome* 44 (4) : 735-737.
15. Huvet A, Balabaud K, Bierne N and Boudry P (2001). Microsatellite analysis of 6-hour-old embryos reveals no preferential intraspecific fertilization between cupped oysters *Crassostrea gigas* and *Crassostrea angulata*. *Marine Biotechnology* 3(5): 448-453.
16. Boudry P, Collet B, Cornette F, Hervouet V, Bonhomme F (2002). High variance in reproductive success of the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*, Thunberg) revealed by microsatellite-based parentage analysis of multifactorial crosses. *Aquaculture* 204: 283-296.
17. Bierne N, David P, Boudry P , Bonhomme F (2002). Preferential fertilization, hybrid unfitness and heterosis in the mussels *Mytilus edulis* and *M. galloprovincialis*. *Evolution* 56(2): 292-298.
18. Huvet A, Gérard A, Ledu C, Phélipot P, Heurtebise S, Boudry P (2002). Is fertility of hybrids enough to conclude that the two oysters *Crassostrea gigas* and *Crassostrea angulata* are the same species ?. *Aquatic Living Resources* 15: 45-52.
19. Lapègue S, Boutet I, Leitão A, Heurtebise S, Garcia P, Thiriot-Quévieux C, Boudry P (2002). Trans-Atlantic distribution of a mangrove oyster species revealed by 16S mtDNA and karyological analyses. *Biological Bulletin* 202: 232-242.
20. Arnaud S, Boudry P, Saulnier D, Seaman T, Vonau V, Bonhomme F, Goyard E (2002). Anonymous nuclear DNA markers in the pearl oyster *Pinctada margaritifera* and in other *Pinctada* species. *Molecular Ecology Notes* 2: 220-222.
21. Soletchnik P, Huvet A, Le Moine O, Razet D, Geairon P, Faury N, Gouletquer P, Boudry P (2002). Comparative field study of growth, survival and reproduction of *Crassostrea gigas*, *C. angulata* and their hybrids. *Aquatic Living Resources* 15(4): 243-250.
22. Boudry P, McCombie H, Van Dijk H (2002). Vernalization requirement of wild beet *Beta vulgaris* ssp. *maritima*: among population variation and its adaptive significance. *Journal of Ecology* 90(4): 693-703.
23. Launey S, Ledu C, Boudry P, Bonhomme F, Naciri-Graven Y (2002). Geographical Structure in the European oyster (*Ostrea edulis* L.) as revealed by microsatellite polymorphism. *Journal of Heredity* 93: 40-47.
24. Fabioux C, Huvet A, Lapègue S, Heurtebise S, Boudry P (2002). Past and present geographical distribution of populations of Portuguese (*Crassostrea angulata*) and Pacific (*C. gigas*) oysters along the European and north African Atlantic coasts. *Halictis* 31: 33-44.
25. Tanguy A, Boutet I, Bonhomme F, Boudry P, Moraga D (2002). Polymorphism of metallothionein genes in the Pacific oyster *Crassostrea gigas* as a biomarker of metal exposure. *Biomarkers* 7(6): 439-450.
26. Leitão A, Chaves R, Santos S, Boudry P, Guedes-Pinto H, Thiriot-Quévieux C (2002). Cytogenetic study of *Ostrea conchaphila* (Mollusca: Bivalvia) and comparative karyological analysis within Ostreinae. *Journal of Shellfish Research* 21(2): 685-690.

27. Haure J, Huvet A, Palvadeau H, Nourry M, Penisson C, Martin JLY, Boudry P (2003). Feeding and respiratory time activities in the cupped oysters *Crassostrea gigas*, *Crassostrea angulata* and their hybrids. *Aquaculture* 218: 539-551.
28. Arnaud S, Vonau V, Bonhomme F, Boudry P, Prou J, Seaman T, Veyret X, Goyard E (2003). Spat collection of the pearl oyster (*Pinctada margaritifera cumigii*) in French Polynesia: an evaluation of the potential impact on genetic variability of wild and farmed populations after 20 years of commercial exploitation. *Aquaculture* 219: 181-192.
29. Ernande B, Clobert J, McCombie H, Boudry P (2003). Genetic polymorphism and trade-offs in the early life-history strategy of the Pacific oyster, *Crassostrea gigas* (Thunberg, 1795): A quantitative genetics study. *Journal of Evolutionary Biology* 16 : 399-411.
30. Sellos D, Moal J, Degremont L, Huvet A, Daniel JY, Nicoulaud S, Boudry P, Samain JF, Van Wormhoudt A (2003). Structure of the amylase genes in populations of the Pacific cupped oyster *Crassostrea gigas* : tissue expression and allelic polymorphism. *Marine Biotechnology* 5(2) : 1-13.
31. Tanguy A, Boutet I, Riso R, Boudry P, Auffret M, Moraga M. Metallothionein genes in the European flat oyster *Ostrea edulis*: a potential ecological tool for environmental monitoring? *Marine Ecology Progress Series* (sous presse).
32. Boudry P, Collet B, , Heurtebise S, Morand B, Gérard A. Individual growth performance of juvenile Pacific oysters, *Crassostrea gigas* (Thunberg): stability over time and interaction with survival. *Aquaculture International* (sous presse).
33. Boudry P, Heurtebise S, Lapègue S (2003). Mitochondrial and nuclear DNA sequence variation of presumed *Crassostrea gigas* and *C. angulata* specimens: a new oyster species in Hong Kong ? *Aquaculture* 228: 15-25.
34. Ernande B, Boudry P, Clobert J, Haure J. Plasticity in resource allocation based life history traits of the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*. I. Spatial variation in food abundance. *Journal of Evolutionary Biology* (sous presse).
35. Huvet A, Fabioux C, McCombie H, Lapègue S, Boudry P. Natural hybridization between genetically differentiated populations of *Crassostrea gigas* and *C. angulata* highlighted by sequence variation in flanking regions of a microsatellite locus. *Marine Ecology Progress Series* (accepté sous réserve de modifications).
36. Goyard E, Arnaud S, Vonau V, Bishoff V, Mouchel O, Pham D, Wyban J, Boudry P, Aquacop. Residual genetic variability in domesticated populations of the Pacific blue shrimp (*Litopenaeus stylirostris*) of New-Caledonia, French Polynesia and Hawaii and some management recommendations. *Aquatic Living Resources* (sous presse).

### **3.2 Actes de colloques**

1. Boudry P, Broomberg K, Saumitou-Laprade P, Mörchen M, Cuguen J, Van Dijk H (1995). Gene escape in transgenic sugar beet: what can be learned from molecular studies of weed beet populations ?. In : Actes du “3rd International Symposium upon the Biosafety results of Field Tests of Genetically Modified Plants and Microorganisms”, Jones, DD. (ed.), Monterey, California, USA, 13-16 novembre 1994. University of California, Division of Agriculture and Natural Resources, Oakland, Californie, USA, pp. 75-87.
2. Boudry P, Broomberg K, Saumitou-Laprade P, Mörchen M, Cuguen C, Van Dijk H (1995). Risques associés aux betteraves transgéniques: que peut-on apprendre des études

- moléculaires sur les populations de betteraves mauvaises herbes ?. In : Séminaire sur la dissémination des plantes génétiquement modifiées: bilan des recherches soutenues par le Ministère de l'Agriculture et le Ministère de l'Environnement, sur la proposition du comité scientifique du C.T.P.S., Dattée Y (ed.), 11 janvier 1995, Paris, France, pp. 17-24.
3. Desplanque B, Boudry P, Broomerg K, Van Dijk H (1996). Flux géniques entre betteraves sauvages et cultivées: des populations de betteraves mauvaises herbes peuvent-elles s'installer rapidement ? In: Annales du "Xth International Symposium on the Biology of Weeds", Gasquez J (ed.), ANPP, Paris, France, pp. 239-246.
  4. Boudry P, Chatain B, Naciri-Graven Y, Lemaire C, Gérard A (1997). Genetical improvement of marine fish and shellfish: a french perspective. Actes du "5th International Conference for Productivity Enhancement of the Coastal Waters", 23-24 mai 1996, Pusan, Corée du Sud, pp. 141-150.
  5. Gérard A, Naciri-Graven Y, Boudry P, Launay S, Heurtebise S, Ledu C, Phélipot P. (1997). Contrôle de la gametogénèse des huîtres creuses et plates. Relations "reproduction" et Génétique". In: La reproduction naturelle et contrôlée des bivalves cultivés en France, Devauchelle N, Barret J (ed.), Groupe de travail IFREMER, Nantes, 14-15 Novembre 1995. Rapport interne, DRV 97-11 RA/RST Brest, pp. 99-111.
  6. Boudry P, Barré M, Gérard A (1998). Genetic improvement and selection in shellfish: a review based on oyster research and production. Actes du "Seminar Genetics and Breeding of Mediterranean Aquaculture Species". Network on Technology of Aquaculture in the Mediterranean (TECAM). 28-30 avril 1997, Zaragossa, Espagne, pp. 61-75.
  7. Boudry P, Collet B, Kotoulas G, Magoulas A, Hervouet V, Bonhomme F, Gerard A (1998). The use of microsatellite markers for parentage analysis in the Pacific cupped oyster, *Crassostrea gigas* (Thunberg). ICES CM 1998/K:7.
  8. Gliddon C, Boudry P, Walker DS (1999). Gene flow - a review of experimental evidence. In Environmental impact of genetically modified crops, Gray AJ, Amijee F & Gliddon CJ (eds). Genetically Modified Organisms Research Report 10, pp. 67-81, DETR: London.
  9. Boudry P (1999). Molecular markers as a tool to study genetic resources in oysters. In: Proceedings of the Workshop on Farm Animal Biodiversity, L Smith & AM Neeteson (eds).. Farm Animal Industrial Platform / Biotechnology for Biodiversity Industrial Platform, pp. 19-20.
  10. Boudry P, Chatain B (1999). Triploidy in mariculture: status and perspectives. Position paper adopted by the Working Group on the Application of Genetics in Fisheries and Mariculture" (WGAGFM), Reykjavik, Iceland 12-15 April. ICES CM 1999/F1, pp 7-20.
  11. Boudry P, Collet B, Cornette F, Hervouet V, Bonhomme F (2000). Microsatellite markers as a tool to study reproductive success in the Pacific oyster, *Crassostrea gigas* (Thunberg), crossed under controlled hatchery condition. Journal of Shellfish Research 19(1): 612 (résumé).
  12. Moal J, Samain JF, Daniel JY, Boudry P, Bougrier S, Sellos D, Van Wormhoudt A (2000). Evidence of absorption efficiency differences in two subpopulations of *Crassostrea gigas*. A first approach of their amylase gene polymorphism. Journal of Shellfish research 19(1): 616 (résumé).
  13. Leitão A, Chaves R, Santos S, Boudry P, Guedes-Pinto (2001). C-banding in the oysters *Crassostrea gigas* and *Ostrea edulis*. Chromosome Research 9 sup. 1: 71 (résumé).

14. Nielsen EE, Bossier P, Boudry P (2001). Review and report on new developments in the identification of genes of relevance to aquaculture and studies of wild populations. Position paper adopted by the Working Group on the Application of Genetics in Fisheries and Mariculture” (WGAGFM), Bergen, Norway, March 26-28. ICES CM 2001/F:03, pp. 6-13.
15. Koljonen ML, Boudry P, Hansen MM (2001). Review and report on methods for estimating effective population sizes and/or changes in effective population sizes in anadromous and Marine fish populations. Position paper adopted by the Working Group on the Application of Genetics in Fisheries and Mariculture” (WGAGFM), Bergen, Norway, March 26-28. ICES CM 2001/F:03, pp. 27-38.
16. Soudant P, Lambert C, Choquet G, Ford S, Paillard C, Degrémont L, Delaporte M, Moal J, Boudry P, Soletchnik P, Joly J-P, Ropert M, Bédier E, Huvet A, Samain J-F. (2001). Relationships between summer mortalities and defence mechanisms in families of *Crassostrea gigas* reared in different environmental conditions. Journal of Shellfish research 19(1): 616 (résumé).
17. Hansen MM, Boudry P. Updated provisions regarding GMOs in the ICES Code of Practice on Introductions and Transfers of Non-indigenous Organisms (ToR a). Position paper adopted by the Working Group on the Application of Genetics in Fisheries and Mariculture” (WGAGFM), Dartmouth, Canada, March 18-20, 2002. ICES CM 2002/F:03, pp. 1-5.
18. Ernande B, Haure J, Degrémont L, Bédier E, Boudry P. (2002) Genetical basis of the plasticity of resource allocation in the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. Journal of Shellfish Research 21(1): 380 (résumé).
19. Degrémont L, Bédier E, Martin JL, Soletchnik P, Joly JP, Ropert M, Huvet A, Moal J, Samain JF, Boudry P (2002). Genetic basis of survival in juvenile cupped oysters (*Crassostrea gigas*). Proceedings of the World Congress on genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, 19-23 aout 2003, pp. 481-484.
20. Boudry P, Launey S, Diaz Almela E, Naciri-Graven Y, Ledu C, Mira S, Taris N, Bonhomme F, Lapègue S (2002). Population genetics of the European flat oyster (*Ostrea edulis*): from larvae to populations. ICES CM 2002/U:09.
21. Lam K, Morton B, Boudry P, Heurtebise S (2003). Morphological and mitochondrial DNA characteristics of two cultured species of *Crassostrea* (Bivalvia: Ostreidae) in Hong Kong: towards a significant taxonomic name change. In : Proceedings of Hong Kong Workshops Reunion Conference : Perspectives on marine Environmental change in Hong Kong, Morton, B. (Ed.), Hong Kong University Press, Hong Kong, pp. 331-346.
22. Boudry P, Lapègue S, Guyomard R. Review and practical use of genome mapping in aquacultured organisms. Position paper adopted by the Working Group on the Application of Genetics in Fisheries and Mariculture” (WGAGFM), La Rochelle, France, March 10-12, 2003. ICES CM 2003/ F:01, pp. 3-6.
23. Dahle G, Boudry P, Lapègue S, Nielsen EE. Review and report on genetic issues related to escapes of farmed marine fish and shellfish. Position paper adopted by the Working Group on the Application of Genetics in Fisheries and Mariculture” (WGAGFM), La Rochelle, France, March 10-12, 2003. ICES CM 2003/ F:01, pp. 6-10.
24. Degrémont L, Boudry P, Soletchnik P, Bédier E, Ropert M, Huvet A, Moal J, Samain JF (2003). Genetic basis of summer mortality in juvenile cupped oysters. Journal of Shellfish Research 22(1): 327 (résumé).

25. Lambert C, Soudant Ph, Choquet G, Paillard C, Frouel S, Dégremont L, Delaporte M, Moal J, Boudry P, Soletchnik P, Ropert M, Bédier E, Renault T, Gagnières B, Huvet A, Samain JF (2003). Immunological status of selected *Crassostrea gigas* families and descendants, reared in different environmental conditions. *Journal of Shellfish Research* 22(1): 339 (résumé).
26. Moal J, Bédier E, Fleury PG, Langlade A, Lecoguic Y, Dégremont L, Boudry P, Le Coz JR, Pouvreau S, Enriquez-Diaz M, Lambert C, Soudant P, Samain JF (2003). Genetic variability in reproduction and summer mortality in *Crassostrea gigas*. *Journal of Shellfish Research* 22(1): 345 (résumé).

### 3.3 Communications orales et posters

1. Boudry P, Naciri Y, Heurtebise S, Phélipot P, Ledu C, Gérard A (1995). Gestion des ressources génétiques chez les huîtres creuses du genre *Crassostrea*: une nécessité pour l'ostréiculture. Poster à la 17<sup>ème</sup> réunion du Groupe de Génétique et Biologie des Populations, Lyon, France, Septembre 13-16. Prix du 3<sup>ème</sup> meilleur poster.
2. Boudry P (1995) Introduction à la faune et à la flore de l'Ile de Possession, Archipel Crozet (Océan Indien). Exposé à la Société Linnéenne de Nord-Picardie, Amiens, France.
3. Boudry P, Chatain B, Naciri Y, Christophe Lemaire C, Gérard A (1996). Genetical improvement of marine fish and shellfish: a french perspective. Exposé au 5<sup>ème</sup> international Conference for productivity Enhancement of the Coastal Waters. Pusan, Corée du Sud, 23-24 mai.
4. Desplanque B, Boudry P, Broomerg K, Van Dijk H (1996). Flux géniques entre betteraves sauvages et cultivées: des populations de betteraves mauvaises herbes peuvent-elles s'installer rapidement ? 10<sup>ème</sup> International Symposium on the Biology of Weeds, ANPP, Paris.
5. Boudry P, Heurtebise S, Cornette F, Collet B, Gérard A (1996). Where does the Portuguese oyster really come from ? Poster au 30<sup>ème</sup> annual meeting of the Population Genetics Group. Edinburg, United-Kingdom, 17-20 décembre.
6. Boudry P, Naciri Y, Heurtebise S, Phélipot P, Ledu C, Gérard A (1996). Les huîtres creuses dans le monde : acclimatation et hybridation. Exposé au Salon Ostréicole. La Tremblade, France, 10-13 mai.
7. Boudry P, Heurtebise S, Collet B, Cornette F, Ledu C, Phélipot P, Gérard A (1997). Ressources génétiques chez les huîtres creuses : conservatoire de souche et marqueurs moléculaires. Journées Conchylicoles IFREMER. Nantes, France, 18-19 mars.
8. Collet B, Boudry P, Bougrier S, Heurtebise S, Phélipot P, Ledu C, Morand B, Héral M, Gérard A (1997). Etudes des bases génétiques et de la variabilité des caractères physiologiques impliqués dans la croissance chez l'huître creuse *Crassostrea gigas*. Journées Conchylicoles IFREMER. Nantes, France, 18-19 mars.
9. Barré M, Naciri-Graven Y, Boudry P, Goyard E, Launey S, Cochennec N, Heurtebise S, Ledu C, Phélipot P, Gérard A (1997). Historique, expériences en cours et perspectives du programme de sélection de l'huître plate *Ostrea edulis* pour la résistance à la bonamiose. Journées Conchylicoles IFREMER. Nantes, France 18-19 mars.
10. Boudry P, Barré M, Gérard A (1997). Genetic improvement and selection in shellfish: a review based on oyster research and production. Exposé au Seminaire Genetics and

Breeding of Mediterranean Aquaculture Species. Network on Technology of Aquaculture in the Mediterranean TECAM. Zaragoza, Espagne, 28-30 avril.

11. Launey S, Vigouroux Y, Naciri-Graven Y, Boudry P, Ledu C, Barré M and Bonhomme F (1997). Growth-heterozygosity relationship in oysters: new evidence from microsatellite markers. Exposé au 7<sup>ème</sup> congrès de l'European Society for Evolutionary Biology, Arnhem, Pays-bas, 24-28 août.
12. Boudry P, Barré M (1997). Génétique et sélection chez les huîtres creuses et plates. Exposé à la 19<sup>ème</sup> réunion annuelle du Groupe de Génétique et Biologie des Populations, Perpignan, France, 2-5 Septembre.
13. Collet B, Boudry P, Heurtebise S, Morand B, Gérard A (1997). Relations entre date de fixation, croissance et hétérozygotie aux marqueurs microsatellites chez l'huître creuse *Crassostrea gigas*. Poster à la 19<sup>ème</sup> réunion annuelle du Groupe de Génétique et Biologie des Populations, Perpignan, France, 2-5 septembre.
14. Lango-Reynoso F, Boudry P, Gérard A, Le Pennec M (1997). Différenciation sexuelle chez les mollusques bivalves. Exposé au 4<sup>ème</sup> Atelier Déterminisme et Différenciation du Sexe. Rennes, France, 9-10 Octobre.
15. Boudry P, Huvet A, Launey S (1998). Approche comparative de la variabilité et de la structuration génétique chez deux espèces d'huîtres cultivées (*Crassostrea gigas* et *Ostrea edulis*) présentant des stratégies reproductives et des histoires contrastées. Exposé au Workshop Dispersion larvaire et conséquences sur la variabilité génétique spatiale et temporelle du recrutement en milieu marin. Programme National sur le Déterminisme du recrutement, Perpignan, France, 8-9 janvier.
16. Boudry P, Collet B, Kotoulas G, Magoulas A, Hervouet V, Bonhomme F, Gérard A (1998). The use of microsatellite markers for parentage analysis in the Pacific cupped oyster, *Crassostrea gigas* (Thunberg). Exposé à l'ICES Annual Science Conference – 86<sup>th</sup> Statutory Meeting, Cascais, Portugal, 16-19 septembre.
17. Huvet A, Boudry P (1998). Différenciation génétique, phylogéographie et transferts de populations chez *Crassostrea gigas* et *Crassostrea angulata*. Exposé à la 20<sup>ème</sup> réunion annuelle du Groupe de Génétique et Biologie des Populations, Lille, France, 14-17 septembre.
18. Huvet A, Boudry P, Gérard A (1998). Genetic differentiation between the two cupped oysters *Crassostrea gigas* and *Crassostrea angulata*: contribution of mitochondrial and microsatellite markers. Poster à la conférence Aquaculture Europe '98, Bordeaux, France, 7-10 octobre.
19. Collet B, Boudry P, Thebault A, Heurtebise S, Morand B, Héral M and Gérard A. (1998). Relationship between pre- and post-settlement growth in the Pacific oyster *Crassostrea gigas* (Thunberg). Exposé à la conférence Aquaculture Europe '98, Bordeaux, France, 7-10 octobre.
20. Boudry P, Collet B, Kotoulas G, Hervouet V, Cornette F, Bonhomme F, Gérard A (1999). Utilisation des marqueurs microsatellites pour l'étude des contributions parentales chez l'huître creuse *Crassostrea gigas* (Thunberg). Exposé aux Journées Conchylicoles IFREMER. Nantes, France, 24-25 mars.
21. Boudry P (1999). Molecular markers as a tool to study genetic resources in oysters. Exposé au Biotechnology for Biodiversity Platform/Farm Animal Industrial Platform Workshop "Farm Animal Biodiversity", Utrecht, Pays-Bas, 4 juin.

22. Boudry P, Collet B, Cornette F, Hervouet V, Kotoulas G, Bonhomme F (1999). Mise en évidence expérimentale de la variance du succès reproducteur individuel chez l'huître creuse *Crassostrea gigas* (Thunberg) et conséquences dans les études en populations naturelles. Exposé à la 21<sup>ème</sup> réunion annuelle du Groupe de Génétique et Biologie des Populations, Rennes, France, 6-9 septembre.
23. Huvet A, Balabaud K, Boudry P (1999). Existe-t-il un isolement reproductif entre la "portugaise" et la "japonaise" ?. Poster à la 21<sup>ème</sup> réunion annuelle du Groupe de Génétique et Biologie des Populations, Rennes, France, 6-9 septembre.
24. Diaz Amela E, Boudry P, Launey S, Lapegue S, Ledu C, Bonhomme F (1999). Structuration spatiale des populations européennes d'huîtres plates (*Ostrea edulis* L.) : comparaison entre marqueurs mitochondriaux et nucléaires. Poster à la 21<sup>ème</sup> réunion annuelle du Groupe de Génétique et Biologie des Populations, Rennes, France, 6-9 septembre.
25. Boudry P, Huvet A. Mitochondrial and nuclear phylogeography of two cupped oysters *Crassostrea gigas* and *Crassostrea angulata*. Exposé à la Conference Biology and Evolution of the Bivalvia, Cambridge, Royaume-Uni, 14-17 septembre.
26. Huvet A, Boudry P (2000). Mitochondrial and nuclear phylogeography of two cupped oysters *Crassostrea gigas* and *Crassostrea angulata*. Exposé à la 33<sup>ème</sup> réunion annuelle du Population Genetics Group. Exeter, Royaume-Uni, 5-8 janvier.
27. Berthe FJC, Boudry P, Le Roux F, Hine M (2000). Molecular typing can move the taxonomic boundaries: how far should we go ? Exposé à l'International Conference on Risk analysis in Aquatic Animal Health, Paris, France, 8-10 février.
28. Boudry P, Collet B, Cornette F, Hervouet V, Bonhomme F (2000). Microsatellite markers as a tool to study reproductive success in the Pacific oyster, *Crassostrea gigas* (Thunberg), crossed under controlled hatchery condition. Exposé au 92<sup>ème</sup> Annual Meeting of the National Shellfisheries Association, Seattle, Washington, USA, 19-23 mars.
29. Moal J, Samain JF, Daniel JY, Boudry P, Bougrier S, Sellos D, Van Wormhoudt A (2000). Evidence of absorption efficiency differences in two subpopulations of *Crassostrea gigas*. A first approach of their amylase gene polymorphism. Exposé au 92<sup>ème</sup> Annual Meeting of the National Shellfisheries Association, Seattle, Washington, USA, 19-23 mars.
30. Thiriot-Quiévreux C, Leitao A, Boudry P, McCombie H, Gérard A (2000). The phenomenon of aneuploidy and its relationship with growth in different populations of *Crassostrea gigas*. Exposé à AQUA 2000 International Conference (EAS- WAS), Nice, France, 2-6 mai.
31. Moal J, Daniel JY, Boudry P, Bougrier S, Sellos D, Van Wormhoudt A, Samain JF (2000). Evidence of absorption efficiency differences in two sub-populations of *Crassostrea gigas*. A first approach of their amylase gene polymorphism. Exposé à AQUA 2000 International Conference (EAS- WAS), Nice, France, 2-6 mai.
32. Lapegue S, Diaz Almela E, Launey S, Ledu C, Boudry P, Naciri-Graven Y, Bonhomme F (2000). Mitochondrial and microsatellite genetic differentiation of the flat oyster *Ostrea edulis* along the European coasts, and comparison with allozyme data. Exposé à AQUA 2000 International Conference (EAS- WAS), Nice, France, 2-6 mai.

33. Ernande B, Boudry P, Heurtebise S, Haure J, Martin JL (2000). Genetic basis of growth, survival and their plasticity in the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. Exposé à AQUA 2000 International Conference (EAS- WAS), Nice, France, 2-6 mai.
34. Huvet A, Boudry P (2000). Is there a partial reproductive isolation between the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*, and the Portuguese oyster *C. angulata* ? Poster à AQUA 2000 International Conference (EAS- WAS), Nice, France, 2-6 mai
35. Lapègue S, Boutet I, Leitao A, Thiriôt-Quéviéux C, Heurtebise S, Garcia P, Boudry P (2000). Phylogeography of mangrove oysters from the Southern atlantic Ocean; *Crassostrea gasar* and *Crassostrea rhizophorae*. Poster à AQUA 2000 International Conference (EAS- WAS), Nice, France, 2-6 mai.
36. Boudry P, Collet B, Cornette F, Hervouet V, Bonhomme F (2000). Microsatellite markers as a tool to study reproductive success in the Pacific oyster, *Crassostrea gigas* (Thunberg), crossed under controlled Hatchery condition. Exposé à la Conference Genetics in Aquaculture VII, Townsville, Australie, 15-22 juillet.
37. Boudry P, Leitao A, McCombie H, Thiriôt-Quéviéux C (2000). Aneuploidy and its relationship with growth in different populations of the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*, Thunberg). Exposé à la Conference Genetics in Aquaculture VII, Townsville, Australie, 15-22 juillet.
38. Fabioux C, Huvet A, Lapègue S, Boudry P (2000). Différenciation génétique et hybridation entre les populations d'huîtres creuses *Crassostrea gigas* et *Crassostrea angulata*. Poster à la 22<sup>ème</sup> réunion annuelle du Groupe de Génétique et Biologie des Populations, Dijon, France, 28-31 août.
39. Boudry P, Huvet A, Fabioux C, Lapègue S (2001). Evidence for natural hybridisation between the two oyster sub-species *Crassostrea gigas* and *Crassostrea angulata* in Southern Europe. Exposé à la 34<sup>ème</sup> réunion annuelle du Population Genetics Group. Sheffield, United-Kingdom, 3-6 janvier.
40. Lapègue S, Diaz Almela E, Launey S, Ledu C, Boudry P, Naciri-Graven Y, Bonhomme F (2001). Mitochondrial and Microsatellite genetic differentiation of the flat oyster *Ostrea edulis* along the European coasts Poster à la 34<sup>ème</sup> réunion annuelle du Population Genetics Group. Sheffield, United-Kingdom, 3-6 janvier.
41. Dégremon L Moal J, Daniel JY, Boudry P, Van Wormhoudt A, Sellos D, Bougrier S, Samain JF (2001). Etude du polymorphisme des gènes de l'amylase chez *Crassostrea gigas* : relation avec les paramètres physiologiques de l'assimilation et croissance. Exposé aux "Journées Conchylicoles" IFREMER. Nantes, France, 3-4 avril.
42. Lapègue S, Diaz Almela E, Launey S, Ledu C, Boudry P, Naciri-Graven Y, Bonhomme F (2001). Différenciation génétique des populations d'huître plate européenne, *Ostrea edulis*, à l'aide de marqueurs des génomes mitochondrial et nucléaire. Expos aux "Journées Conchylicoles" IFREMER. Nantes, France, 3-4 avril.
43. Heurtebise S, Boutet I, Verdon B, Lapègue S, Leitão A, Thiriôt-Quéviéux C, Garcia P, Boudry P (2001). Phylogéographie des huîtres de mangrove de l'Océan Atlantique Sud : *C. gasar* et *C. rhizophorae*. Exposé aux "Journées Conchylicoles" IFREMER. Nantes, France, , 3-4 avril.
44. Ernande B, Boudry P, Heurtebise S, Haure J, Martin JLY (2001). Bases Génétiques et plasticité de la croissance et de la survie chez l'huître creuse, *Crassostrea gigas*. Exposé aux "Journées Conchylicoles" IFREMER. Nantes, France, 3-4 avril.

45. Leitão A, Boudry P, McCombie H, Lapègue S, Gérard A, Thiriot-Quévieux C (2001). Le phénomène de l'aneuploidie et sa relation avec la croissance chez l'huître creuse *Crassostrea gigas*. Exposé aux "Journées Conchylicoles" IFREMER. Nantes, France, 3-4 avril.
46. Haure J, Huvet A, Palvadeau H, Nourry M, Penisson C, Boudry P, Martin JLY (2001). Etude comparative de la croissance et de l'activité écophysologique des huîtres creuses *Crassostrea gigas*, *Crassostrea angulata* et des hybrides. Exposé aux "Journées Conchylicoles" IFREMER. Nantes, France, 3-4 avril.
47. Huvet A, Fabioux C, Lapègue S, Boudry P (2001). Hybridation naturelle entre les deux sous-espèces d'huîtres creuses *Crassostrea gigas* et *Crassostrea angulata* au sud de l'Europe. Exposé aux "Journées Conchylicoles" IFREMER. Nantes, France, 3-4 avril.
48. Lapègue S, Boutet I, Heurtebise S, Verdon B, Leitão A, Thiriot-Quévieux C, Garcia P, Boudry P (2001). Phylogéographie des huîtres de mangrove de l'Océan Atlantique Sud : *C. gasar* et *C. rhizophorae*. Poster au 11<sup>ème</sup> Congrès de la Société Française de Malacologie, Caen, France, 2-5 juillet.
49. Lapègue S, Diaz Almela E, Launey S, Ledu C, Boudry P, Naciri-Graven Y, Bonhomme F (2001). Différenciation génétique des populations d'huître plate européenne, *Ostrea edulis*, à l'aide de marqueurs des génomes mitochondrial et nucléaire. Poster au 11<sup>ème</sup> Congrès de la Société Française de Malacologie, Caen, France, 2-5 juillet.
50. Fabioux C, Huvet A, Lapègue S, Boudry P (2001). Hybridation naturelle entre les deux sous-espèces d'huîtres creuses *Crassostrea gigas* et *Crassostrea angulata* au sud de l'Europe. Exposé au 11<sup>ème</sup> Congrès de la Société Française de Malacologie, Caen, France, 2-5 juillet.
51. Leitão A, Chaves R, Santos S, Boudry P, Guedes-Pinto (2001). C-banding in the oysters *Crassostrea gigas* and *Ostrea edulis*. Poster au 14<sup>ème</sup> International Chromosome Conference, Würzburg, Allemagne, 4-8 septembre.
52. Boudry P (2002). Exposé au WRCC '02 meeting on "Broodstock Management, Genetics and Breeding Programs" Mystic, Connecticut, USA, 13 avril.
53. Ernande B, Haure J, Degrémont L, Bédier E, Boudry P (2002). Genetical basis of the plasticity of resource allocation in the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. Exposé à la 94<sup>ème</sup> Réunion annuelle de la National Shellfisheries Association, Mystic, Connecticut, USA, 14-18 avril.
54. Soudant P, Lambert C, Choquet G, Ford S, Paillard C, Degrémont L, Delaporte M, Moal J, Boudry P, Soletchnik P, Joly J-P, Ropert M, Bédier E, Huvet A, Samain JF (2002). Relationships between summer mortalities and defence mechanisms in families of *Crassostrea gigas* reared in different environmental conditions. Exposé à la 94<sup>ème</sup> Réunion annuelle de la National Shellfisheries Association, Mystic, Connecticut, USA, 14-18 avril.
55. Leitão A, Chaves R, McCombie H, Lapègue S, Bouilly K, Boudry P, Guedes-Pinto H, Thiriot-Quévieux C (2002). New molecular cytogenetic tools and their application for the study of aneuploidy in the Pacific oyster *Crassostrea gigas* Exposé à l'European Society of Marine Biotechnology Conference, Nantes, France, 12-14 mai.
56. Degrémont L, Moal J, Daniel JY, Boudry P, Van Wormhoudt A, Sellos D, Huvet A, Boubrier S, Samain JF (2002). Catalytic and physiological traits associated to amylase gene polymorphism in *Crassostrea gigas* oyster under two trophic conditions. Exposé à l'European Society of Marine Biotechnology Conference, Nantes, France, 12-14 mai.

57. Degremont L, Bédier E, Martin JL, Soletchnik P, Joly JP, Ropert M, Huvet A, Moal J, Samain JF, Boudry P (2002). Genetic basis of survival in juvenile cupped oysters (*Crassostrea gigas*). Exposé au 4<sup>ème</sup> World Congress on genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, 19-23 août.
58. Huvet A, Haure J, Soletchnik P, Boudry P (2002). Caractérisation écophysiological des huitres creuses *Crassostrea gigas* et *Crassostrea angulata* : les temps d'activités expliquent en partie les différences de croissance mesurées en milieu contrôlé et dans le bassin de Marennes-Oléron. Exposé au 126<sup>ème</sup> Congrès de la Société Zoologique de France, Plouzané, France, 16-18 septembre.
59. Boudry P, Launey S, Diaz Almela E, Naciri-Graven Y, Ledu C, Mira S, Taris N, Bonhomme F, Lapègue S (2002). Population genetics of the European flat oyster (*Ostrea edulis*): from larvae to populations. Talk at the ICES Annual Science Conference, Copenhagen, Denmark, October 1-5.
60. Arnaud-Haond S, Boudry P, Blanc F, Saulnier D, Prou J, Vonau V, Seaman T, Bonhomme F, Goyard E (2002). Perliculture et gestion durable des ressources génétiques de l'huître perlière, *Pinctada margaritifera* de Polynésie française : constat et recommandations. Poster presented at the 4th Colloque national du Bureau des Ressources Génétiques, La Châtre, France, October 14-16.
61. Goyard E, Arnaud S, Vonau V, Pham D, Boudry P, Aquacop (2002). Ressources génétiques de la population de crevettes *Litopenaeus stylirostris* domestiquée en Nouvelle-Calédonie: définition d'une stratégie de ré-introduction de la variabilité. Poster au 4<sup>ème</sup> Colloque national du Bureau des Ressources Génétiques, La Châtre, France, 14-16 octobre.
62. Boudry P (2002). Genetic improvement of oysters by selective breeding, review and recent results. Exposé à l'Annual International Conference, Association of Scottish Shellfish Growers, Oban, Ecosse, 17-18 octobre.
63. Degremont L, Bédier E, Soletchnik P, Ropert M, Huvet A, Moal J, Samain JF, Boudry P (2003). Mortalité estivale et croissance du naissain de l'huître creuse *Crassostrea gigas*: étude de familles sélectionnées. Exposé aux "Journées Conchyliques", IFREMER, Nantes, 12-13 mars.
64. Boudry P, Launey S, Diaz-Almela E, Naciri-Graven Y, Ledu C, Mira S, Taris N, Bonhomme F (2003). Diversité génétique et différentiation génétique chez l'huître plate européenne: de la population à l'individu. Exposé aux "Journées Conchyliques", IFREMER, Nantes, 12-13 mars.
65. Brizard R, Boudry P, Robert R, Pouvreau S, Maise G, Labbé C, Roger JL, Haffray P (2003). Optimisation et standardisation d'une méthode de cryopréservation des spermatozoïdes de l'huître creuse *Crassostrea gigas*. Exposé aux "Journées Conchyliques", IFREMER, Nantes, 12-13 mars.
66. Boudry P (2003). Diversité génétique chez les huîtres cultivées en France : perspectives pour l'amélioration des schémas de sélection. Exposé à la Conférence « Récent progrès en recherche aquacole », Institut Océanographique, Paris, 12 mars.
67. Degremont L, Boudry P, Soletchnik P, Bédier E, Ropert M, Huvet A, Moal J, Samain JF (2003). Genetic basis of summer mortality in juvenile cupped oysters. Exposé à la 95<sup>ème</sup> réunion annuelle de la National Shellfisheries Association, , New Orleans, Louisiana, USA 13-17 avril.

68. Lambert C, Soudant Ph, Choquet G, Paillard C, Frouel S, Dégremont L, Delaporte M, Moal J, Boudry P, Soletchnik P, Ropert M, Bédier E, Renault T, Gagnières B, Huvet A, Samain JF (2003). Immunological status of selected *Crassostrea gigas* families and descendants, reared in different environmental conditions. . Exposé à la 95<sup>ème</sup> réunion annuelle de la National Shellfisheries Association, , New Orleans, Louisiana, USA 13-17 avril.
69. Moal J, Bédier E, Fleury PG, Langlade A, Lecoguic Y, Dégremont L, Boudry P, Le Coz JR, Pouvreau S, Enriquez-Diaz M, Lambert C, Soudant P, Samain JF (2003). Genetic variability in reproduction and summer mortality in *Crassostrea gigas*. . Exposé à la 95<sup>ème</sup> réunion annuelle de la National Shellfisheries Association, , New Orleans, Louisiana, USA 13-17 avril.
70. Boudry P, Launey S, Diaz-Almela E, Naciri-Graven Y, Ledu C, Mira S, Taris N, Bonhomme F, Lapègue S (2003). Population genetics of the European flat oyster (*Ostrea edulis*): from larvae to populations. Exposé au IIIème Congrès International des Sociétés Européennes de Malacologie, 24-27 Juin, La Rochelle, France.

### **3.4 Encadrement d'étudiants (Bac+2 à Bac+5)**

1. Cornette F. (1996). A la recherche de l'huître portugaise : identification de marqueurs moléculaires discriminant *Crassostrea angulata* et *Crassostrea gigas*. Certificat de spécialisation en aquaculture, CEMPAMA-Beg Meil Fouesnant.
2. Morand B. (1996) - Etude de la variabilité de croissance d'une population d'huîtres creuses *Crassostrea gigas* - bases génétiques. DESS "Exploitation des Ressources Vivantes Côtières", Université de Caen.
3. Vano L. (1996) - Recherche de marqueurs de l'ADN nucléaire chez les huîtres creuses du genre *Crassostrea*. Rapport de stage de 2eme année de BTS Biochimie. Lycée Jean Perrin, Reze (44).
4. Délandes H. (1997). Phylogénie moléculaire des huîtres du genre *Crassostrea*. Approche par les techniques de restriction enzymatique et de séquençage. Maîtrise de Biochimie. Université des Sciences de La Rochelle.
5. Huvet A. (1997). Différentiation génétique de deux huîtres creuses *Crassostrea gigas* et *Crassostrea angulata* : apport des marqueurs microsatellites. DEA de Biologie des Populations, Génétique et Eco-Ethologie, Université des Sciences et Techniques de Tours.
6. Minguez X. (1997). Suivi de croissance d'une génération d'huîtres creuses *Crassostrea gigas* dans le cadre du programme "Genephyt 1996-2000". Maîtrise "Biologie des Populations et des Ecosystèmes", Université de Poitiers.
7. Hervouet V. (1998). Utilisation d'un marqueur microsatellite pour l'étude des contributions parentales chez l'huître *Crassostrea gigas*. DEA de Biologie des Populations, Génétique et Ecoéthologie. Université des Sciences et Techniques de Tours.
8. Balabaud K. (1999). Etude préalable à la diversification d'huîtres creuses en France : isolement reproductif entre *Crassostrea gigas* et *Crassostrea angulata*. Rapport de stage Institut des Sciences et Techniques des Aliments de Bordeaux. Université de Bordeaux I.
9. Boutet I. (1999). Taxonomie et phylogéographie des huîtres creuses de l'Atlantique Sud. Rapport de stage, Maîtrise de Biologie des Populations et des Ecosystèmes, Université de La Rochelle.

10. Diaz Almeda E. (1999). Structuration génétique mitochondriale chez l'huître plate *Ostrea edulis* L. le long des côtes européennes et comparaison avec la différenciation nucléaire. DEA Biologie de l'Evolution et Ecologie, Université Montpellier II Sciences et Techniques du Languedoc.
11. Fabioux C. (2000). Différenciation génétique et hybridation entre les populations naturelles d'huîtres creuses *Crassostrea gigas* et *Crassostrea angulata*. DEA Océanologie Biologique et Environnement Marin (option "Ressources vivantes et écosystèmes côtiers"), Université de Bretagne Occidentale, Institut Universitaire Européen de la Mer.
12. Verdon B. (2000). Phylogeographie des huîtres creuses des mangroves de l'Atlantique sud par l'apport des marqueurs moléculaires. Maîtrise de Biologie des populations et des écosystèmes, Université de La Rochelle.
13. Mira Da Silva S-M. (2001). La variabilité génétique chez l'huître plate *Ostrea edulis* (L. 1758) : inférence du nombre de géniteurs instantané d'une population. DEA Biologie de l'Evolution et Ecologie. Université de Montpellier II.
14. Moreau D. (2001). Etude de génétique des populations sur l'huître creuse de mangrove, *Crassostrea gasar* (Adanson, 1757), par l'apport du marqueur ITS2. Maîtrise de Biologie des populations, mention environnement. Université des Sciences de La Rochelle.
15. Champion C. & Franqueville J.P (2002). Réalisation d'une sélection divergente chez l'huître *Crassostrea gigas* et élevage larvaire. INA-PG, stage de seconde année.
16. Durozoi B. 2002. Action du facteur trophique sur les marqueurs amylases chez l'huître creuse *Crassostrea gigas*. Maîtrise de Biologie des Populations et des Ecosystèmes. Université de Pau.
17. Rambelo-Ramanitra S. (2002). Les gènes de l'amylase chez l'huître creuse *Crassostrea gigas* : transmission et mise en évidence des pressions sélectives. Maîtrise Biologie des Populations et des Ecosystèmes. Université de Bordeaux I.
18. Taris N. (2002). Diversité génétique et dynamique du recrutement chez l'huître plate *Ostrea edulis* L. DESS Gestion de la biodiversité, méthodologies et valorisation des ressources génétiques. Université Pierre et Marie Curie – Paris 6.
19. Sauvage C., 2003. Etude des effets de la sélection sur les gènes de l'amylase chez une population d'huître creuse *Crassostrea gigas* en fonction des conditions trophiques précoces. Maîtrise de Biologie des Populations et Ecosystèmes, Université du Littoral Côte d'Opale, Calais.

### **3.5 Encadrement d'étudiants en thèse**

1. Collet B. (1998). Bases génétiques des caractères physiologiques impliqués dans la croissance chez l'huître creuse *Crassostrea gigas*. Thèse de Doctorat de l'Institut National Agronomique de Paris Grignon (Co-responsable Scientifique avec S. Bougrier, Directeur: M. Héral).
2. Huvet A. (2000). Ressources génétiques et phylogéographie des huîtres creuses *Crassostrea gigas* et *C. angulata* : variabilité, différenciation et adaptation des populations naturelles et introduites. Thèse de Doctorat de l'Université de Tours (responsable scientifique, Directeur: G. Periquet).

3. Ernande B. (2001). Développement, plasticité phénotypique et évolution. Thèse de Doctorat de l'Université de La Rochelle (Co-responsable Scientifique avec U. Diekmann, Directeur: J. Clobert).
4. Degrémont L. Etude des bases génétiques des mortalités estivales et relatin avec la croissance chez les juvéniles de *Crassostrea gigas*. Thèse de Doctorat de l'Université de Caen (responsable scientifique, Directeur: Ph. Gouletquer). Soutenance prévue en Décembre 2003.
5. Taris N. Bases génétiques et conséquences des conditions environnementales de production en éclosérie aux stades précoces chez *Crassostrea gigas*. Thèse de Doctorat de l'Université de La Rochelle (responsable scientifique, Directeur: Ph. Gouletquer). Soutenance prévue fin 2005.
6. Batista F. Assessment of the aquacultural potential of the Portuguese oyster *Crassostrea angulata*. Thèse de Doctorat de l'Univeristé de Porto (Portugal) (co-responsable scientifique avec F. Ruano, Directeur: M.A. Henriques). Soutenance prévue fin 2005.

### **3.6 Encadrement de post-doctorants**

1. Leitao A (1 juillet 2000 au 30 Juin 2003). Développement de méthodes d'identification et de description des chromosomes d'huîtres pour l'étude de l'aneuploïdie et de l'évolution de ces espèces (co-responsable avec Pr. H. Guesdes-Pinto du Laboratoire de Génétique de l'Universidade de Trás os Montes e Alto Douro-ICETA-UTAD, Portugal).
2. Arnaud-Haond S (Octobre 2000 – Mai 2002). Développement de marqueurs moléculaires et étude des ressources génétiques de l'huître perlière de Polynésie française (co-encadrement avec E. Goyard, IFREMER/COP).

### **3.7 Participation à des jurys ou évaluations de thèses**

1. Examineur de la thèse de J. Haure. Testage de souches d'huîtres plates *Ostrea edulis* tolérantes à *Bonamia Ostreae* : élevage contrôlé, écophysiologie et modélisation de la croissance. Ecole Pratique des Hautes Etudes, 8 septembre 1999.
2. Rapporteur de la thèse d'A. Leitao. Cytogenetique de bivalves d'intérêt commercial : les huîtres. Université de Paris VI en co-tutelle avec l'Université de Porto (Portugal), 24 janvier 2000.
3. Rapporteur de la thèse de S. Arnaud. Flux génique et phylogéographique comparée à deux espèces de bivalves du Pacifique : *Pinctada mazatlanica* et *Pinctada margaritifera*, marqueurs mitochondriaux et nucléaires. Université de Montpellier II, Sète, 27 juin 2000.
4. Examineur de la thèse de C. Daguin. Etude de la phylogéographie des moules du complexe d'espèces *Mytilus edulis*. Université de Montpellier II, Sète, 15 décembre 2000.
5. Examineur de la thèse d'A. Tanguy. Marqueurs génétiques et réponse adaptative de l'huître *Crassostrea gigas* en condition de stress environnementaux. Université de Bretagne Occidentale, 19 décembre 2000.
6. Examineur de la thèse de G. Rafferty. Recombinant DNA studies on the pacific oyster *Crassostrea gigas*. National University of Ireland, Galway, Irlande, 22 mai 2001.

7. Examineur de la thèse de N.C. Hautekeete. Evolution de la durée de vie dans le complexe d'espèces *Beta*. Université des Sciences et Technologies de Lille 1, 1er juin 2001.
8. Examineur de la thèse de N. Bierne. Barrières aux flux génique en milieu marin : sélection et dispersion larvaire dans la zone d'hybridation des moules côtières *Mytilus edulis* et *M. galloprovincialis*. Université de Montpellier II, 3 décembre 2001.
9. Rapporteur de la thèse de Rosalind Hand intitulé « Commercialisation of triploid Sydney rock oysters, *Saccostrea glometara*, in New South Wales » pour l'Université de Tasmanie, mai 2002.

### **3.8 Rapports de contrats**

1. Boudry P, Naciri Y, Heurtebise S, Delsert C, Ledu C, Phélipot P, Chollet B, Cochenec N & Gérard A (1995). Acclimatation de nouvelles espèces d'huîtres creuses du genre *Crassostrea* : Hybridations et conservatoire de souches. 2ème Partie : année 95. Contrat Etat-Région Poitou-Charentes 1994-1998. Convention 95/RPC-R-57 "Génétique", 20 p.
2. Boudry P, Naciri Y, Héral M, Collet B, Bougrier S, Geffard O, Ledu C, Phélipot P, Heurtebise S & Gérard A (1995). Amélioration de la qualité chez l'huître creuse *Crassostrea gigas* par sélection de souches performantes. 1ère partie : année 1994. Contrat Etat-Région Poitou-Charentes 1994-1998. Convention 95/RPC-R-57 "Génétique", 30 p.
3. Rapport URM 16 année 1995 - Unité de Recherche Marine n°16 - IFREMER n°95/1212315/N - Développement et utilisation des marqueurs génétiques hypervariables chez les espèces marines.
4. Boudry P, Naciri-Graven Y, Barré M, Collet B, Cornette F, Heurtebise S, Ledu C, Chollet B, Phélipot P & Gérard A (1997). Acclimatation de nouvelles espèces d'huîtres creuses du genre *Crassostrea* : hybridation et conservatoire de souches - Amélioration de la qualité chez l'huître creuse *Crassostrea gigas* par sélection de souches performantes. Contrat de plan Etat/Région Poitou-Charentes 1994-1998. Convention 96/RPC-R-65 "Génétique", 33 p.
5. Gérard A, Boudry P & Bougrier S (Coord. GENEPHYS), (1997). Genetic bases and variability of physiological traits involved in growth in *Crassostrea gigas*. First Progress Report 1st January-31st December 1996. Commission of the European Communities. Contract N°. FAIR 95-421, 128 p.
6. Rapport URM 16 année 1996 - Unité de Recherche Marine n°16 - Contrat n° 96 566 400 - Développement et utilisation des marqueurs génétiques hypervariables chez les espèces marines, 41p.
7. Rapport URM 16 année 1995-1996. Unité de Recherche Marine n°16. Contrat n°96 566 400 - Développement et utilisation des marqueurs génétiques hypervariables chez les espèces marines. Rapport de synthèse des deux premières années d'activité 1995-1996, 67 p.
8. Gérard A et al., (1997). Acclimatation de nouvelles espèces d'huîtres creuses du genre *Crassostrea* : Hybridation et conservation de souches. Amélioration de la qualité chez l'huître creuse *Crassostrea gigas* par sélection de souches performantes : année 1996. Contrat Etat/Région Poitou-Charentes 1994-1998. Convention 96 RPC-R-65 "Génétique", 25 p.

9. Gérard A, Naciri-Graven Y, Boudry P, Launay S, Heurtebise S, Ledu C & Phelipot P (1997). Contrôle de la gamétogenèse des huîtres creuses et plates. Relations "Reproduction" et "Génétique". Rapport du groupe de travail "Reproduction naturelle et contrôlée des bivalves cultivés en France", novembre 1995. RIDRV-RA 97.11 Brest, 7-19.
10. Baud JP, Palvadeau H, Nourry M, Haure J, Penisson C & Boudry P (1998). Bases génétiques et variabilité des caractères physiologiques impliqués dans la croissance de *Crassostrea gigas*. Rapport convention annuelle SMIDAP n° 97 05266, 15 p.
11. Boudry P, Dumolin-Lapègue S, Goyard E, Heurtebise S, Ledu C, Phelipot P & Gérard A (1998). Acclimatation de nouvelles espèces d'huîtres creuses du genre *Crassostrea*: hybridation et conservatoire de souches. Contrat de plan Etat/Région Poitou-Charentes 1994-1998 - Convention 97 RPC-R-54 "Génétique". Rapport année 1997.
12. Gérard A, Boudry P & Bougrier S (Coord. GENEPHYS) (1998). Genetic bases and variability of physiological traits involved in growth in *Crassostrea gigas*. First Progress Report 1st January-31st December 1997. Commission of the European Communities. Contrat n° FAIR 95-421, 157 p.
13. Huvet A, Boudry P, Baud JP, Nourry M, Phelipot P & Gérard A (1998). Ressources génétiques chez l'huître creuse *Crassostrea gigas*: variabilité, différenciation et adaptation aux conditions de production en Charente-Maritime. Rapport du Contrat Conseil Général du 2 mars 1998, 48 p.
14. Boudry P, Heurtebise S, Huvet A, Chollet B, Ledu C, Phelipot P & Gérard A (1999). Accimatation de nouvelles espèces d'huîtres creuses du genre *Crassostrea*: hybridation et conservatoire de souches. Contrat de plan Etat/Région Poitou-Charentes 1994-1998. Convention 98 RPC-R-8 « Génétique ». Synthèse finale, 47 p.
15. Boudry P, Collet B, Goyard E, Lapegue S, Heurtebise S, Ledu C, Phelipot P, Cornette F, Bougrier S & Gérard A (1999). Amélioration de la qualité chez l'huître creuse *Crassostrea gigas* par la sélection de souches performantes. Contrat de plan Etat/Région Poitou-Charentes 1994-1998. Convention 98 RPC-R-8 « Génétique ». Synthèse finale, 34 p.
16. Huvet A, Boudry P, Baud JP, Nourry M, Phelipot P & Gérard A (1999). Ressources génétiques chez l'huître creuse *Crassostrea gigas*: variabilité, différenciation et adaptation aux conditions de production en Charente-Maritime. Rapport du contrat Conseil Général du 2 mars 1998. 48 p.
17. Gérard A, Boudry P & Bougrier S (Coord. GENEPHYS) (1999). Genetic bases and variability of physiological traits involved in growth in *Crassostrea gigas*. Third Progress Report 1st January-31st December 1998. Commission of the European Communities. Contrat FAIR 95-421, 191 p.
18. Boudry P, Heurtebise S, Huvet A, Lapègue S, Ledu C, Phelipot P & Gérard A (2000). Acclimation de nouvelles espèces d'huîtres creuses du genre *Crassostrea*: hybridation et conservatoire de souches. Contrat Région Poitou-Charentes 1999 – Convention 99 RPC-A-203 « Génétique » : 25 p.
19. Lapègue S, Thiriote C, McCombie H, Heurtebise S, Boudry P, Robert S, Soletchnik P, Gouletquer P & Gérard A (2000). Etude du niveau d'aneuploidie dans les populations des zones de captage du bassin de Marennes-Oléron. Contrat Région Poitou-Charentes 1999. Convention 99 RPC-A-201 «Génétique», 39 p.

20. Gérard A, Boudry P & Bougrier S (Coord.) (2000). Genetic bases and variability of physiological traits involved in growth in *Crassostrea gigas*. Fourth Progress Report 1st January-31st December 1999. Commission of the European Communities – Contract FAIR 95-421 : 157 p.
21. Huvet A & Boudry P (2000). Ressources génétiques chez l’huître creuse *Crassostrea gigas* : variabilité, différenciation et adaptation aux conditions de production en Charente-Maritime. Rapport du Contrat « Conseil Général du 2 mars 1998. Année 1999, 21 p.
22. Gérard A, Boudry P & Bougrier S (Coord.) 2001. Genetic bases and variability of physiological traits involved in growth in *Crassostrea gigas*. Final report 1st January 1996-31st December 2000. Commission of the European Communities – Contract FAIR 95-421 : 66p.
23. Boudry P & Lapègue S (2001). Programme 3 : Gestion durable des productions ostréicoles : les apports de la génétique. Convention 2000 RPC-A-530, Région Poitou-Charentes : 56 p.
24. Boudry P, Heurtebise S, Lapègue S, Lam K, McCombie H, Leitao A & Gérard A (2002). Etude des ressources génétiques chez les huîtres creuses. Contrat Région Poitou-Charentes 2000-2006. Convention N°2001-RPC-A-212 «Génétique», «Gestion durable des productions ostréicoles : les apports de la génétique » : 38 p.
25. Lapègue S, McCombie H, Leitao A, Bouilly K, Sabatier S, Heurtebise S, Boudry P, Thiriot C & Gérard A (2002). Etude des anomalies chromosomiques chez *Crassostrea gigas*. Contrat Région Poitou-Charentes 2000-2006. Convention N°2001-RPC-A-212 «Génétique», «Gestion durable des productions ostréicoles : les apports de la génétique » : 44 p.
26. Arnaud S., Prou J., Boudry P., Vonau V. & E. Goyard, 2003. Ressources génétiques de l’huître perlière de Polynésie Française, *Pinctada margaritifera* : recherche de populations locales originales et aide à la définition d’une stratégie de conservation. Rapport final Contrat de Développement Etat-Territoire 2000-2003 : 22 p.
27. Arnaud-Haond S, Prou J, Boudry P, Vonau V & Goyard E (2003). Ressources génétiques de l’huître perlière de Polynésie Française, *Pinctada margaritifera* : recherche de populations locales originales et aide à la définition d’une stratégie de conservation. Rapport de Contrat Etat-Region : 42 p.
28. Boudry P, Dégremont L, Brizard R, Lapègue S, Phelipot P, Heurtebise S & Cornette F (2003). Action 1 : Etude des ressources génétiques des huîtres creuses. Contrat Région Poitou-Charentes 2000-2006. Convention 2002-RPC-A-A80 « Génétique ». Programme 3 : Gestion durable des productions ostréicoles : les apports de la génétique : 14 p.
29. Lapègue S, Taris N, Boudry P, Langlade A & Bonhomme F (2003). Diversité génétique et dynamique du recrutement chez l’huître plate *Ostrea edulis* L.. Rapport de synthèse du projet soutenu lors de l’appel d’offres 2001-2002 de l’Institut Français de la Biodiversité : 15 p.

### **3.9 Enseignement**

1. Maîtrise de génétique, Université de La Rochelle : printemps 1995 : 10 h.
2. Maîtrise de génétique, Université de La Rochelle : printemps 1996 : 10 h

3. DEA « Biotechnologie végétale », Université de Compiègne : 2h.
4. Semaine d'enseignement « Aquaculture », Centre IFREMER de Brest, janvier 1998 : 2h.
5. Semaine d'enseignement « Aquaculture », Centre IFREMER de Brest, janvier 1999 : 2h.
6. DESS « Gestion de la Biodiversité », Université Paris VI, 8 février 2000 : 3 h.
7. Maîtrise Biologie des Organismes, Université de Nantes, 15 novembre 2000 : 3h.
8. DEA Biologie de l'Evolution et Ecologie, module de Biologie et Génétique des Populations Marines » Université de Montpellier II, Sète 19 janvier 2001 : 2 h.
9. DESS « Gestion de la Biodiversité », Université Paris VI, 8 février 2000 : 3 h.
10. DESS « Gestion de la Biodiversité », Université Paris VI, 22 février 2001 : 3 h.
11. CSAGAD (INA-PG), 13 juin 2001 : 4 h.
12. DEA Biologie de l'Evolution et Ecologie, module de Biologie et Génétique des Populations Marines » Université de Montpellier II 20 décembre 2001 : 3h.
13. DEA Biologie de l'Evolution et Ecologie, module de Biologie et Génétique des Populations Marines » Université de Montpellier II 20 décembre 2002 : 3 h.

### **3.10 Revues d'articles et de projets**

#### **Reuves d'articles (nombre de revues) :**

Acta Oecologia (1)  
 Aquaculture (4)  
 Conservation Genetics (1)  
 Evolution (1)  
 Genetics (1)  
 Genetics Selection Evolution (1)  
 Marine Ecology (1)  
 Molecular Ecology (4)  
 Journal of Fish Biology (1)  
 Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom (2)  
 Theoretical and Applied Genetics (1)

#### **Reuves de projets pour les organisations suivantes (nombre de projets) :**

European Community: DGXII (1), DGXIV (3)  
 United States Department of Agriculture (Washington DC, USA) (3)  
 Maryland Sea Grant College (University of Maryland System, USA) (1)  
 Bureau des Ressources Génétiques (Paris, France) (3)  
 Institut National de la Recherche Agronomique (INRA, France) (1)  
 Programme National Dynamique de la Biodiversité et Environnement (PNDBE, France) (1)  
 Université René Descartes – ECOS-Sud (1)  
 Institut Français de la Biodiversité (I.F.B., France) (1)  
 Natural Environment Research Council (NERC, U.K.) (1)  
 School of Marine Science / Virginian Institute of Marine Science (SMS/VIMS) of the College of William and Mary (Virginia, USA) (1).

**Titre :** Diversité génétique chez les huîtres creuses du genre *Crassostrea* : quelles ressources pour quelle amélioration des productions de *C. gigas* ?

**Résumé :** Malgré l'importance économique des huîtres, les connaissances concernant leurs ressources génétiques de ces espèces restent relativement limitées. Mes travaux de recherche ont eu pour but de d'améliorer les connaissances dans les domaines (1) de la taxonomie, la phylogénie et la phylogéographie des huîtres creuses du genre *Crassostrea*, (2) du testage de souches de diverses origines géographiques de *C. gigas* et *C. angulata* et (3) la caractérisation de la variabilité phénotypique et génétique chez *C. gigas* pour des caractères d'intérêt aquacole, en vue de leur amélioration par sélection. Les études, basées sur le polymorphisme de l'ADN et la description des chromosomes, ont permis de préciser ou de corriger l'identification, la répartition et les relations phylogénétiques entre certaines espèces. Les comparaisons de souches géographiques de *C. gigas* et *C. angulata*, réalisées en laboratoire et en condition de production, montrent des différences ecophysiologiques entre taxon et une meilleure adaptation des populations européennes aux conditions locales. *C. gigas* présente une grande variabilité phénotypique et génétique pour des caractères d'intérêt aquacole. La variabilité de caractères liés à l'allocation des ressources et les corrélations qui en résulte, ainsi que les spécificités de la production du naissain en écloserie pourraient expliquer la forte variance génétique observée pour des caractères liés à la « fitness ». La mise en place de programmes raisonnés de sélection, à partir de la diversité présente en France, devrait donc conduire à une amélioration efficace des productions.

**Mots clés :** ressources génétiques, phylogénie, testage de souches, variabilité, amélioration par la sélection, huîtres creuses, *Crassostrea gigas*.

---

**Titre :** Genetic diversity among *Crassostrea* cupped oysters : which resources and improvements in *Crassostrea gigas* production ?

**Abstract :** Despite the economic importance of oyster farming, knowledge about genetic resources of these species is still limited. The objectives of my research were to provide further information about (1) taxonomy, phylogeny and phylogeography of *Crassostrea* oysters, (2) to compare *C. gigas* and *C. angulata* strains of various geographic origins and (3) to study phenotypic and genetic variation for traits of aquacultural interest in *C. gigas*. Studies based on DNA polymorphism and chromosomes allowed to improve or correct identification, geographic range and phylogeographic relationships among several species. The comparison of various strains of *C. gigas* and *C. angulata*, both in laboratory and field conditions, revealed significant differences among taxa and the better adaptation of European strains to local conditions. *C. gigas* showed a large phenotypic and genetic variability for traits of interest for aquaculture. The observed variability for traits related to resource allocation and their correlation, together with the specific conditions of spat production in hatchery might explain why such a variation is observed for fitness-related traits. The development of selective breeding programmes, based on French *C. gigas* populations, should lead to efficient improvement of the oyster production.

**Key-words :** genetic resources, phylogeny, strains testing, variability, genetic improvement by selection, cupped oysters, *Crassostrea gigas*.