

# Taxonomie de l'huître naine *Ostreola stentina*

Ifremer

Sylvie Lapègue<sup>1</sup>, Inès Ben Salah<sup>2</sup>, Frederico M. Batista<sup>3,4</sup>,  
Serge Heurtebise<sup>1</sup>, Lassad Neifar<sup>2</sup>, et Pierre Boudry<sup>1</sup>



<sup>1</sup> Laboratoire de Génétique et Pathologie, IFREMER, 17390 La Tremblade, France.

<sup>2</sup> Laboratoire d'Ecobiologie animale, Faculté des Sciences de Sfax, BP 802, 3038 Sfax, Tunisie.

<sup>3</sup> Instituto Nacional de Investigação Agrária e das Pescas (INIAP/IPIMAR), CRIPSul, Av. 5 de Outubro, 8700-305, Olhão, Portugal.

<sup>4</sup> Instituto de Ciências Biomédicas Abel Salazar (ICBAS), Universidade do Porto, Largo Prof. Abel Salazar, 2, 4099-003 Porto, Portugal.



## Introduction

En Europe, l'espèce d'huître indigène majeure, *Ostrea edulis*, a souffert de surexploitation et de l'impact successif de deux parasitoses au cours du siècle dernier. Cette espèce reste cependant encore exploitée en Europe, principalement en Espagne et en France. Son aire de répartition s'étend cependant des côtes Atlantiques en Europe et au nord de l'Afrique et sur tout le pourtour méditerranéen, ainsi qu'en Mer Noire. La zone méditerranéenne et sud atlantique est commune avec une autre espèce indigène, l'huître dite "naine", *Ostreola stentina*. Celle-ci, n'atteignant que quelques centimètres à l'âge adulte, est sans intérêt commercial.

## Matériel et méthodes

Afin d'étudier les relations génétiques entre ces deux espèces, mais aussi avec d'autres taxons des genres *Ostrea* et *Ostreola*, nous avons réalisé une analyse phylogénétique basée sur les séquences des fragments mitochondriaux 16S (la grande sous-unité du gène codant pour l'ARN ribosomal) et COI (la sous-unité I de la cytochrome oxydase). Nous avons échantillonné des huîtres plates, morphologiquement identifiées comme *Ostreola stentina*, au Portugal (SA, MI), en Tunisie (KN, GH) et au Maroc (MO).

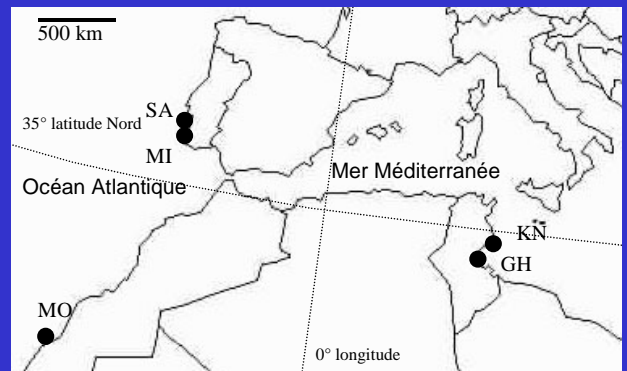


*Ostreola stentina*



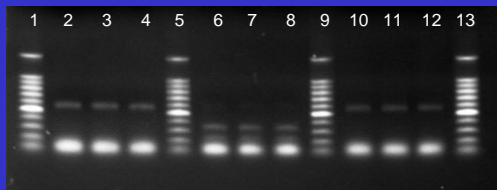
*Ostrea edulis*

2 cm



## Résultats et conclusions

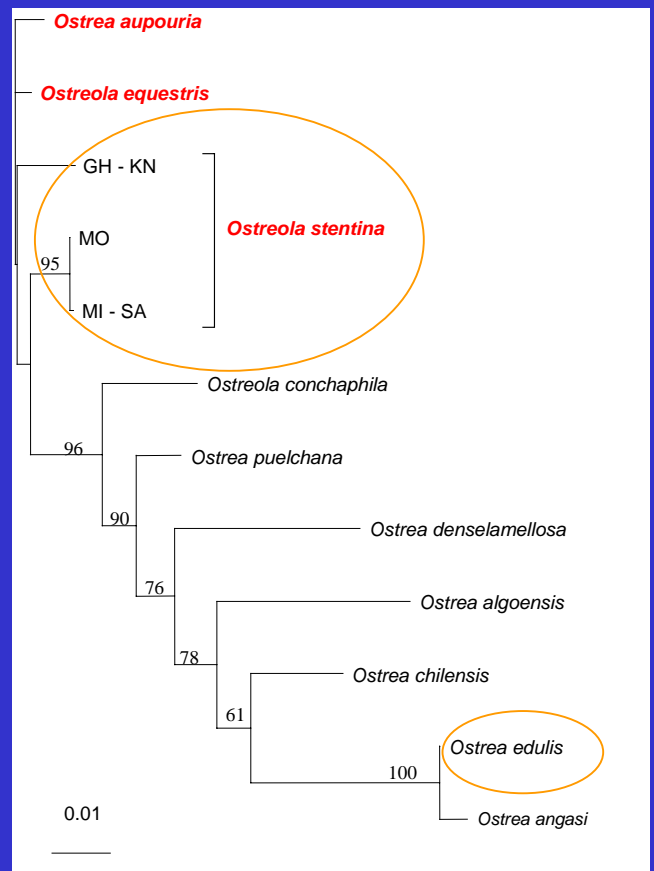
◆ Nos résultats de séquence sur les fragments mitochondriaux 16S et COI montrent que les deux espèces sont très éloignées phylogénétiquement, ce qui permet de mettre en place une méthode simple d'identification spécifique par PCR-RFLP.



Exemple d'identification par PCR-RFLP sur gel d'agarose d'échantillons d'*Ostreola stentina* (colonnes 6, 7, et 8 : 2 bandes) et d'*Ostrea edulis* (colonnes 2, 3, 4, 10, 11, 12 : 1 bande) avec l'enzyme de restriction *RsaI* et le fragment mitochondrial 16S. Marqueur de taille : colonnes 1, 5, 9 et 13.

Cela permet d'envisager l'identification précoce du naissain capté dans le milieu naturel afin de déterminer son intérêt aquacole.

◆ Par ailleurs, *Ostreola stentina* apparaît très proche de l'espèce congénérique *Ostreola equestris*, mais aussi de l'espèce *Ostrea aupouria*. Bien que *Ostreola* soit un genre qui a été identifié séparément de *Ostrea*, ces données soutiennent l'incorporation du genre *Ostreola* dans le genre *Ostrea*. La proximité génétique de ces trois espèces est inattendue étant donné leurs répartitions géographiques très différentes. En effet, *Ostreola equestris* est présente dans le Golfe du Mexique alors qu'*Ostrea aupouria* est observée en Nouvelle-Zélande. Une telle disjonction géographique entre espèces proches a déjà été rapportée chez d'autres espèces d'huîtres, mettant en doute leur appartenance à des espèces différentes. Ces résultats confirment la nécessité de mieux connaître ces taxons afin de redéfinir leurs relations phylogénétiques et leur statut taxonomique.



Arbre phylogénétique basé sur les séquences du fragment 16S

S. Lapègue, I. Ben Salah, F. M. Batista, S. Heurtebise, L. Neifar, P. Boudry, 2006. Phylogeographic study of the dwarf oyster, *Ostreola stentina* (Payraudeau, 1826), from Morocco, Portugal and Tunisia: evidence of a geographic disjunction with the closely related species, *Ostrea aupouria* and *Ostreola equestris*. Sous presse dans *Marine Biology*.