

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

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

<sup>1</sup> Ifremer, Laboratoire de génétique et pathologie, avenue de Mus de Loup 17390 La Tremblade

<sup>2</sup> ISEM, Département Biologie Intégrative, 1 quai de la daurade 34200 Sète

### 1°/ Introduction

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

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

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

Étude avec 16 Allozymes (Saavedra et al. 1993, 1995) **Arginine Kinase: allozyme « outlier »** AS<sub>1</sub> AS5 AS2 MW3 MW1 Cline de fréquence des allèles 100 (en noir) et 0.05 ME3 | ME4 205 (en blanc) de l'Arginine Kinase, du nord au sud de l'Atlantique et de l'ouest à l'est de la Méditerranée [Fst = 0,289\*\*\*]. Arbre Neighbor-joining basé sur les distances

**■** Une trace de sélection ?

**Étude avec 5 marqueurs Microsatellites** Étude avec un marqueur Mitochondrial : (Launey et al. 2002) 12S-rRNA (Diaz-Almela et al. 2004) **ANb ANa ASc ASd** ANb) **ANe** MWb MWc ANC ANd 0.1 0.01 Arbre Neighbor-joining basé sur les distances

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

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

génétiques de Reynolds (Launey et al. 2002).

Explication du nom des populations : A : Atlantique ; BS : Mer Noire ; M : Méditerranée ; N : Nord ; S : Sud ;

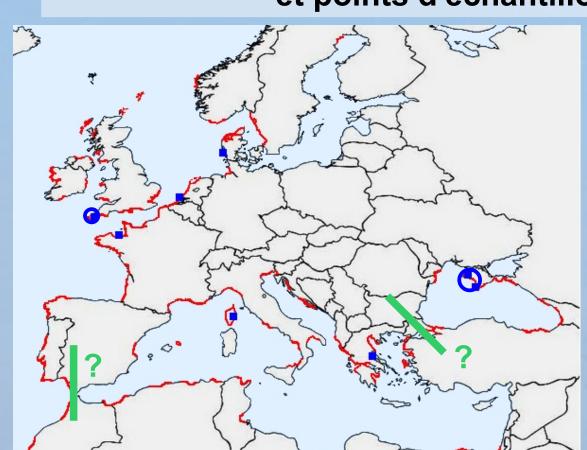
E: Est; W: Ouest.

#### 3°/ Nouvelle étude

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

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

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



génétiques de Reynolds (données d'après

Saavedra et al. 1995, graphe modifié à partir de

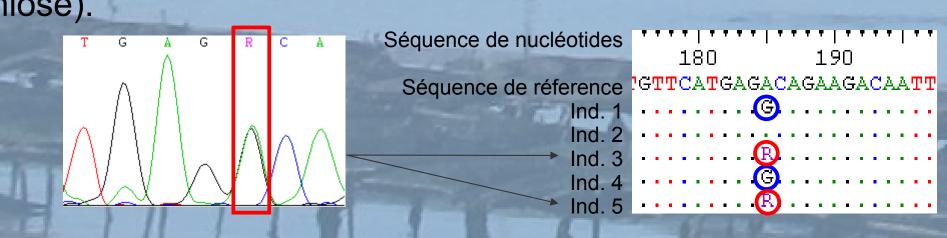
Launey et al. 2002).

- Aire de distribution de O. edulis
- Points d'échantillonnage
- Regroupement de 2 sites en 1 population Barrières géographiques potentielles
- Étude de la diversité génétique via le séquençage ou le génotypage de 4 types de marqueurs moléculaires
- Arginine Kinase, par séquençage (Allozyme identifiée comme « outlier » par Saavedra et al. 1993, 1995)
- Marqueur Mitochondrial 12S-rRNA
  - Séquence de 500 pb
- 10 à 15 Marqueurs Microsatellites
  - (Naciri et al. 1995; Launey et al. 2002; Lallias et al. 2009)
- 384 Marqueurs SNPs, dont:
- 48 SNPs développés sur la séquence de gènes candidats potentiellement impliqués dans la résistance ou la sensibilité à la Bonamiose (2 librairies EST, Morga et al. 2008) - Complément avec une partie des SNPs séquencés dans le cadre du projet européen PopPhyl (Population phylogenomics; http://www.isem.cnrs.fr/spip.php?article1046)

#### **Marqueurs SNPs**

(SNP: Polymorphisme d'un seul nucléotide)

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

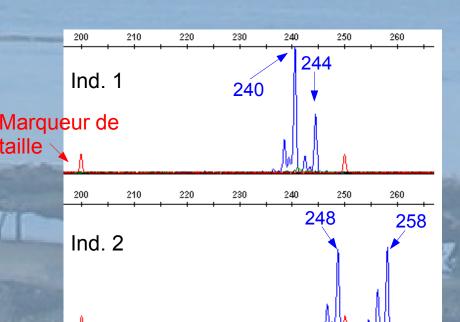


Identification de 511 SNPs sur une longueur totale de 19 926 pb, soit une fréquence de 1 SNP toutes les 39 paires de bases.

Dont 48 SNPs suffisamment isolés (60 pb flaquantes) pour être génotypés dans les 7 populations naturelles.

## **Marqueurs Microsatellites**

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



Génotypage d'une portion de la liste

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

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

Références bibliographiques :

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

Saavedra C., Zapata C. et Alvarez G., 1995. Geographical patterns of variability at allozyme loci in the European oyster Ostrea edulis. Marine Biology 122(1): 95-104.