

Génomique de l'adaptation de l'huître creuse, *Crassostrea gigas*, dans le contexte de sa récente expansion géographique en Europe

A. ROHFRTSCH¹, N. BIERNE², P. BOUDRY³, S. HEURTEBISE¹, F. CORNETTE¹, S. LAPEGUE¹

¹Ifremer, Laboratoire de génétique et pathologie, avenue de Mus de Loup 17390 La Tremblade

²ISEM, Département Biologie Intégrative, 1 quai de la daurade 34200 Sète

³Ifremer, UMR M100 Physiologie et Ecophysiologie des Mollusques Marins, Technopôle Brest Iroise 29280 Plouzané



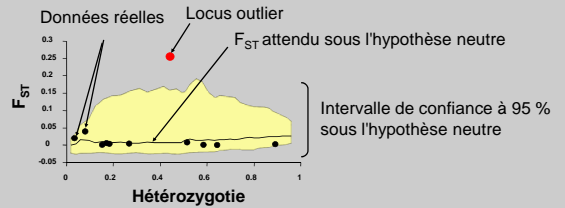
Contexte

Originnaire du nord de l'Asie, l'huître creuse, *Crassostrea gigas*, a été introduite et transférée, principalement pour l'aquaculture, notamment dans plusieurs pays européens depuis le début des années 1960 (CIESM, 2003). Le caractère invasif de cette espèce a été souligné au cours de la dernière décennie dans plusieurs pays ainsi que son impact négatif sur certains écosystèmes côtiers, comme celui de la mer de Wadden. Dans le cadre du projet Hi-Flo, soutenu par l'ANR, nous avons pour objectif d'identifier les caractéristiques d'une telle espèce florissante : (1) Observe-t-on de la dérive dans certaines populations ? (2) Peut-on expliquer son succès par le hasard des opportunités (expansion de leur niche écologique) ou est-il lié à des processus évolutifs, ce qui impliquerait une adaptation génétique de l'espèce à de nouvelles conditions ?

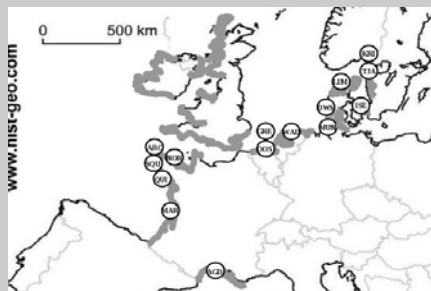
Recherche de locus sous sélection

Approche de Beaumont et Nichols (1996)

Basée sur les distributions simulées d'estimateurs de différenciation génétique (F_{ST})



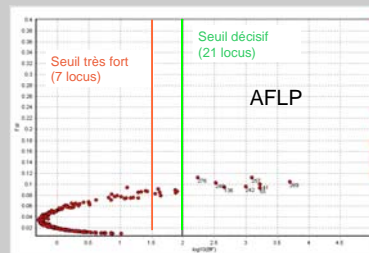
Méthodologie



- 16 populations
- 746 individus
- 305 AFLP
- 30 SNPs
- 4 microsattellites

Détection des locus outlier : Baysecan (Foll et Gaggiotti, 2008)

Détection des locus outlier



- Locus outlier :
- SNPs : 16,7 %
 - AFLP : 9,2 %

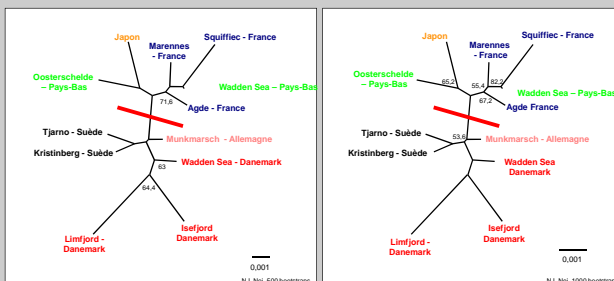
Revue bibliographique de Nosil et al (2009) sur 18 études :

- proportion de locus outlier varie entre 0,4 et 24,5% (moyenne : 8,5%),
- environ 5-10% du génome fortement affecté par de la sélection divergente.

Structure génétique

Tous les locus AFLP

Sans les AFLP outlier



2 groupes de populations : Nord (Allemagne, Danemark et Suède); Sud (France, Pays-Bas et Japon).

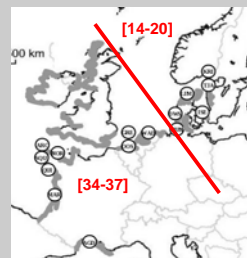
Même séparation Nord/Sud observée sur les locus SNP

Conclusion

Structuration génétique entre les populations au nord des Pays-Bas et les populations plus au sud

Même structure observée sans les locus outlier

La sélection n'explique pas toute la structure observée



[Nombre moyen d'allèles microsattellites]

Hyp : - effet de fondation (moins d'allèles au nord) dans les populations récemment installées + isolement par rapport aux populations du sud homogénéisées par les transports dus à l'ostréiculture

- sélection différentielle sur certains locus

Bibliographie

Beaumont MA & Nichols RA, 1996. Evaluating loci for use in the genetic analysis of population structure. *Proc. R. Soc. Lond. B* 263: 1916-1926

CIESM, 2003 http://www.ciesm.org/atlas/Crassostrea_gigas.html

Foll M & OE Gaggiotti, 2008. A genome-scan method to identify selected loci appropriate for both dominant and codominant markers: A Bayesian perspective. *Genetics*. 180: 977-993

Nosil P, Funk DJ & D Ortiz-Barrientos, 2009. Divergent selection and heterogeneous genomic divergence. *Mol. Ecol.* 18: 375-402