

Etudes des bases génétiques et de la variabilité des caractères physiologiques impliqués dans la croissance chez l'huître creuse *Crassostrea gigas*

Collet B.^{1,2}, Boudry P.¹, Bougrier S.², Heurtebise S.¹, Phélipot P.¹,
Ledu C.¹, Morand B.¹, Héral M.² et Gérard A.¹

¹ GAP IFREMER BP133 17390 La Tremblade

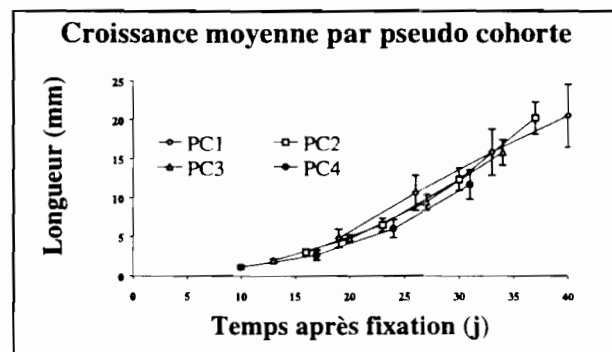
² CREMA IFREMER/CNRS 17137 Nieul-sur-mer BP7

Un programme européen ("GENEPHYS") a été initié en 1996 dans le but d'étudier les bases génétiques et la variabilité des caractères physiologiques impliqués dans la croissance de *Crassostrea gigas*, étape nécessaire à toute sélection génétique sur le rendement métabolique. Des équipes irlandaises, anglaises, grecques et françaises sont impliquées dans ce projet et participent aux analyses génétiques (allozymes et microsatellites) et physiologiques (écophysiologie, enzymologie, protéines de stress). La production de matériel biologique est assurée par l'IFREMER de La Tremblade tandis que les analyses physiologiques non destructives sont assurées par le CREMA.

Quatre populations naturelles françaises ont constitué la génération "G0". Cinq mâles et cinq femelles par population ont été croisés dans toutes les combinaisons possibles. Les 20 x 20 = 400 croisements ont été fait séparément pour chaque couple puis regroupés 3 heures après fécondation. Les mêmes géniteurs ont été utilisés pour 4 croisements intra-population (4 x (5 x 5) = 100 croisements). Les larves n'ont subi aucune pression de sélection, la compétition inter-individuelle ayant été limitée au maximum (faibles densités d'élevage, nourriture *ad libitum*).

Les paramètres physiologiques expliquant la croissance (taux d'ingestion, taux d'assimilation, taux d'absorption, consommation d'oxygène et "scope for growth") ont été mesurés, dans un dispositif statique, sur les géniteurs "G0". Ces expériences préliminaires sur les populations de géniteurs visaient à analyser la constance des performances physiologiques sur un cycle d'une année. La trop forte variabilité inter-individuelle dans ces populations naturelles n'a pas permis pour l'instant de détecter une quelconque stabilité temporelle de ces paramètres. D'autres analyses se feront avec un système de mesure en continu, intégrant le temps d'activité sur les descendants de la première génération "G1".

Les descendants du croisement factoriel complet ont été fixés sur des collecteurs plans (plaques de PVC). Ce système a permis de séparer les individus en fonction de leur date de fixation. Ainsi, quatre "pseudo-cohortes" ont été obtenues et suivies très précocement pour leur croissance. Malgré une mortalité massive précoce de ces animaux due à un virus de type herpès, l'analyse des cinétiques de croissance jusqu'au 40^{ème} jour après fixation ne montre pas de différence de potentiel de croissance entre des animaux fixés à des dates différentes (ci-contre).



Un suivi individuel de croissance a également été entrepris, de façon plus tardive, sur les descendants des 5 croisements intra-population. L'analyse des courbes de croissance montre une forte stabilité dans le temps ainsi qu'un effet très net de la population d'origine. D'autre part, la variabilité inter-individuelle est très importante. L'héritabilité de la croissance sera estimée en 1997 par des analyses familiales ("G2"). Un échantillon de trois populations descendant des croisements intra-population servira de base à la construction de familles par croisement contre un testeur. L'héritabilité des paramètres physiologiques sera cette fois estimée par la construction d'une seconde génération basée sur des géniteurs sélectionnés sur leur performances physiologiques.

L'étude génétique des pseudo-cohortes au stade J45 a été entreprise à l'aide de trois locus microsatellites isolés par l'équipe grecque. Le but est ici de caractériser les différentes pseudo-cohortes en terme d'hétérozygotie et de fréquences alléliques et d'étudier les contributions parentales.