

# Cultures MARINES

Le magazine  
des conchyliculteurs

Saison  
des huîtres

Un hiver  
de vérité



Novembre 2011 - n°251 - 6,50 euros - [www.infomer.fr](http://www.infomer.fr)

## Parcours d'élevage : quelles avancées ?



### Reportage

Dans la course  
au captage



### Environnement

Les coquillages  
menacés d'extinction ?



## Sélection : les huîtres françaises ont de la ressource

À l'occasion d'un atelier scientifique organisé le 5 octobre à La Rochelle, Sylvie Lapègue, chercheuse au laboratoire génétique et pathologie de l'Ifremer à Ronce-Les-Bains, revient sur son travail dans le cadre du projet européen Aquagenet. Ou comment les biotechnologies contribuent à l'amélioration de la production et à l'exploitation durable des ressources ostréicoles...

*Cultures marines.* Quel travail venez-vous présenter lors de cette conférence?

**Sylvie Lapègue.** Mon travail consistait à présenter l'ensemble des résultats de l'utilisation du séquençage pour le développement de marqueurs génétiques pour les huîtres plates et creuses.

CM. Pourriez-vous nous expliquer ?

**SL.** Grâce à des marqueurs, nous essayons de comprendre la structure génétique des huîtres, plates et creuses, en France et en Europe. Nous caractérisons les populations naturelles et les stocks. Nous arrivons à repérer et analyser des zones différentes entre les huîtres (*lire encadré*). En parallèle, nous localisons aussi des parties du génome impliquées notamment dans la résistance aux mortalités estivales chez l'huître creuse. De même pour les huîtres plates (*Ostrea edulis*), grâce à ces marqueurs, nous avons pu mieux identifier des parties du génome concernées par la résistance à la bonamiose.

CM. Quelles conclusions avez-vous pu tirer ?

**SL.** Les populations d'huîtres creuses sont très variables mais assez homogènes en France. Cette situation est liée au phénomène de transferts. En revanche, il existe une différence avec le Nord de l'Europe, le Danemark, l'Allemagne et la Suède. Dans ces populations, la variabilité est inférieure. Les conditions climatiques différentes engendrent moins de reproduction, moins de géniteurs impliqués. C'est ce que nous appelons un goulot d'étranglement génétique.

CM. En quoi les nouvelles biotechnologies vont-elles aider l'ostréiculture ?

**SL.** Le séquençage haut débit va nous permettre d'augmenter le nombre de marqueurs. Aujourd'hui nous en avons 384 pour les plates, 384 pour les creuses et grâce à ces nouvelles biotechnologies nous devrions atteindre plusieurs milliers de marqueurs. C'est pour nous une véritable révolution. Certes cela a un coût mais nous allons gagner en efficacité et nous travaillons déjà avec une plateforme équipée à Toulouse, le Génomol.

CM. Vous travaillez aussi aujourd'hui au projet GigADN. Qu'en est-il exactement ?

**SL.** Ce projet a pour objectif de développer des outils moléculaires permettant de suivre les familles produites en sélection. Il s'agit d'étudier leur variabilité et d'envisager une sélection assistée par marqueurs. Et enfin fournir un programme d'aide à la gestion de ces familles. Dans ce projet, Labogena travaille avec l'Institut national de recherche agronomique (Inra) et met en place le transfert de ces outils avec le Syndicat des sélectionneurs avicoles et aquacoles français (Syssaaf). Ce programme de traçabilité devrait être utilisable dès 2012.

**CM.** L'Ifremer est souvent critiqué par certains ostréiculteurs et accusé de travailler pour les écloseries. Comment y réagissez-vous ?

**SL.** C'est un problème de communication auquel nous tentons de remédier. Tous nos résultats seront présentés à Nantes prochainement. D'autre part, le progrès génétique ne pouvant passer que par des animaux produits de façon contrôlée, et non dans le milieu naturel, cela nécessite l'utilisation d'un outil de type éclosérie. Peut-être est-ce aux professionnels de se réunir et de créer une éclosérie ? Ils pourraient alors aller chercher des fonds publics dans le cadre d'un programme collectif.

CM. Les ostréiculteurs ont toujours l'intention d'aller chercher des huîtres au Japon. Qu'en pensez-vous ?



Le séquençage haut débit va permettre de multiplier le nombre de marqueurs génétiques identifiés chez l'huître.

Sylvie Lapèque (Ifremer)

**SL.** Nous avons échantillonné des huîtres japonaises depuis 10 ans. Nous avons constaté la même variabilité sur ces huîtres, qu'elles soient récentes ou anciennes, avec celles présentes en France. Je ne crois pas forcément qu'aller chercher des huîtres au Japon soit une bonne solution du point de vue génétique, car la sélection peut déjà puiser largement dans la variabilité importante déjà présente en France. D'un point de vue pathologique, c'est prendre plus de risques que de sélectionner, tracer, gérer des animaux en élevage.

Propos recueillis par  
Valentine JANIN



Le progrès génétique ne peut passer que par des animaux élevés en milieu contrôlé

➤ **Aquagenet en quelques lignes...**

Débuté en 2011, le projet scientifique Aquagenet se terminera mi-2013.

**Objectif :** permettre une coopération entre scientifiques et professionnels du secteur sur la zone Sud-Ouest de l'Europe (Sudoe) afin d'améliorer compétitivité et développement d'une aquaculture durable.

**Outils :** les biotechnologies appliquées aux espèces marines.

**Partenaires :** les universités de Barcelone et Cadix en Espagne, l'Institut national de recherches biologiques du Portugal (Ipimar), l'Ifremer et le CNRS en France.

**Coordination :** l'Institut de recherche, de formation agricole et de pêche d'Andalousie, en Espagne (Ifapa).

Financement : Fonds européen de développement régional (Feder).

## Un génome à la loupe

La variabilité génétique des huîtres est étudiée à différents endroits sur leur ADN :

1• Chaque base peut être une zone de différence entre des individus. Par exemple ci-dessous l'individu A possède un T à la 7<sup>ème</sup> position alors que l'individu B possède un C. Ce type de différence est appelé un SNP (single nucleotide polymorphism).

2• On peut également observer dans le génome des répétitions d'un motif, par exemple ci-dessous le motif CTT est répété 8 fois chez l'individu A et 9 fois chez l'individu B. Ce type de différence est donc une différence de longueur dans une zone appelée **microsatellite**.

Individu A

...CTCGGCTGTGACTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTGACTTTAACGTACG...

Individu B

...CTCGGCCGTGACTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTGACTTTAACGTACG...