

Développement de marqueurs moléculaires liés à la résistance à la mortalité estivale chez l'huître creuse *Crassostrea gigas* - Approche QTL



The Pacific oyster *Crassostrea gigas* is the most cultivated marine species in the world (4.2 million tonnes for a turnover of 3.5 billion US dollars according to the FAO 2005). Flat oyster culture is one of the components of the French economic activity. However, for more than 15 years, farms have had to face some summer mortality episodes (30 %-60 %), that could jeopardize European mollusc culture competitiveness. More than the economical importance of *C. gigas*, which justifies a great research effort, oysters constitute a study model of the complex physiological and genetic basis (i.e. growth, reproduction, and survival) strongly correlated to the oyster's response to different environmental conditions. One of the considered solutions is the selection of individuals which are more resistant to mortality. Considering the constraints linked to the setting up of such selection schemes, the development of genetic markers, enabling a marker aided selection, seems to be an interesting research direction to follow but it also aims at better understand summer mortality in the cupped oyster through the study of the genetic architecture of this phenomenon.

Moreover, knowledge of the genome of the cupped oyster is currently blooming (Hedgecock, Gaffney et al. 2005). It appears as particularly polymorphous and has a large number of recessive deleterious genes, responsible for some important segregation distortions (Launey and Hedgecock, 2001). A map of the bonding, based on a hundred microsatellite markers, has been published recently (Hubert and Hedgecock, 2004). Carried out in the framework of the European project "Aquafirst" (FP6), this thesis aims to develop a cartography enabling the detection of the genotype/phenotype relationship based on a QTL (Quantitative Trait Locus) approach. The considered phenotype trait is the summer mortality in the cupped oyster *Crassostrea gigas*. In this way, a range of new molecular markers of SNP (Single Nucleotide Polymorphism) type have been developed in order to draw a genetic map using all of the available markers (microsatellites and SNP). These experiments have been carried out on individuals from inbred oyster families, showing mixed performances in terms of summer survival, which had been obtained during the MOREST program. L'huître du Pacifique *Crassostrea gigas* est la principale espèce aquatique produite dans le monde (4,2 millions de tonnes pour un chiffre d'affaire de 3,5 milliards de dollars US selon la FAO, 2005). L'élevage de l'huître creuse constitue une composante de l'activité économique de la France. Cependant, depuis plus de 15 ans, les élevages subissent des épisodes de mortalité estivales (30%-60%) qui peuvent à terme mettre en péril la compétitivité de l'aquaculture européenne de mollusques. Hormis l'importance économique de *C. gigas*, qui justifie un effort de recherche, les huîtres constituent un modèle d'étude des bases physiologiques et génétiques de caractères complexes (ie croissance, reproduction et survie) fortement corrélés avec la réponse des huîtres à différentes conditions environnementales. Une des solutions envisagées est la sélection d'individus plus résistants à la mortalité. Compte tenu des contraintes liées à la mise en place de tels schémas de sélection, le développement de marqueurs génétiques, permettant une sélection assistée par ces mêmes marqueurs, apparaît aujourd'hui comme une voie de recherche intéressante mais vise aussi à une meilleure compréhension du phénomène de mortalité estivale chez l'huître creuse par l'étude de l'architecture génétique de ce trait. D'autre part, les connaissances sur le génome de l'huître creuse sont actuellement en plein développement (Hedgecock, Gaffney et al. 2005). Il apparaît comme particulièrement polymorphe et portant un grand nombre de gènes délétères récessifs, responsables de distorsions de ségrégation importantes (Launey et Hedgecock, 2001). Une carte de liaison basée sur une centaine de marqueurs microsatellites a été récemment publiée (Hubert et Hedgecock, 2004). Réalisé dans le cadre du projet européen « Aquafirst » (FP6), ce sujet de doctorat a pour but de développer une cartographie nous permettant de détecter des relations entre génotype et phénotype par une approche QTL (Quantitative Trait Locus). Le trait de phénotype considéré est la mortalité estivale chez l'huître creuse *Crassostrea gigas*. Pour cela, de nouveaux marqueurs moléculaires de type SNP (Single Nucleotide Polymorphism) ont été développés pour établir une carte génétique à l'aide de l'ensemble des marqueurs disponibles (microsatellites et SNP). Ces travaux ont été menés sur des individus issus de familles d'huîtres consanguines présentant des performances contrastées en terme de survie estivale qui ont été obtenus lors du programme MOREST.

Auteurs du document : Sauvage, Christopher

Obtenir le document : Université de La Rochelle

Mots clés : *Crassostrea gigas*, Huître, Microsatellite, SNP (Single Nucleotide Polymorphism), QTL (Quantitative Trait Locus), Phénotype, Génotype, Cartographie, Marqueurs moléculaires, Sélection Génétique, Génétique

Thème (issu du Text Mining) : INFORMATION - INFORMATIQUE

Date : 2008-06-09

Format : text/xml

Langue : Inconnu

Droits d'utilisation : info:eu-repo/semantics/openAccess, restricted use

Télécharger les documents : <https://archimer.ifremer.fr/doc/2008/these-4544.pdf>

<https://archimer.ifremer.fr/doc/00000/4544/>

Permalien : <https://www.documentation.eauetbiodiversite.fr/notice/developpement-de-marqueurs-moleculaires->



Ce portail, créé et géré par l'Office International de l'Eau (OIEau), est géré avec l'appui de l'Office français de la biodiversité (OFB)

