

Exploration fonctionnelle de gènes différentiellement exprimés entre les souches d'huîtres creuses *Crassostrea gigas* résistantes et sensibles à la mortalité estivale



This work contributed to the development of specific genomic tools for the Pacific oyster *Crassostrea gigas*, aiming to identify molecular markers associated with summer survival of this species. To do so, 29745 ESTs obtained from different sequencing programs were grouped in a unique database. 9058 unigenes have been used to produce a cDNA microarray, to compare lines selected to be Resistant (R) or Sensitive (S) to summer mortality. 34 genes were observed as differentially expressed before the mortality event. Most of these genes are associated with reproduction and oxidative stress. This underlines the implication of the cost of reproduction and the importance of oxidative stress defenses in development of an immune weakness before the mortality event. The gene oyster-gonadal-TGFbeta-like, specifically expressed in the somatic cells of the gonad, could be involved in the differential reproductive investment observed between R and S lines. This hypothesis gives additional clue to study the implication of reproductive cost in the summer mortality phenomena. Genes will be studied by functional analyses and will also be mapped, in order to

unravel their function and to identify their role in the mortality event., Ce travail a contribué au développement d'outils de génomique spécifiques à l'huître *Crassostrea gigas* et visait à identifier des déterminants moléculaires de la survie estivale chez cette espèce. Dans cette optique, un effort de séquençage a été réalisé, permettant l'obtention d'un total de 29745 unigènes, assemblées dans une base de données. 9058 d'entre eux ont été utilisées pour produire la première puce à ADNc spécifique de *C. gigas*, servant de support à la comparaison transcriptomique des lignées d'huîtres Résistantes (R) et Sensibles (S) à la mortalité estivale. 34 gènes sont apparus différentiellement exprimés au cours de la période précédant les mortalités. Ces gènes sont notamment associés aux processus de reproduction et de stress oxydatif, soulignant le coût de la reproduction et l'importance de la défense anti-oxydante dans l'apparition d'une déficience immunitaire avant les mortalités. Parmi eux, le gène oyster-TGFbeta-like, exprimé spécifiquement dans les cellules somatiques de la gonade, pourrait être à l'origine des différences d'investissement reproducteur observées entre les lignées R et S. Cette hypothèse ouvre de nouvelles perspectives d'étude du coût de la reproduction dans les mortalités estivales. Ces gènes font l'objet d'analyses fonctionnelles et seront cartographiés afin de comprendre leur rôle chez l'huître et de déterminer leur implication dans les mortalités.

Auteurs du document : Fleury, Elodie

Obtenir le document : Université de Rennes I

Mots clés : reproduction, Transforming Growth Factor b, micorarray, database, summer mortality, Bivalves, reproduction, Transforming Growth Factor b, puce à ADN, base de données, mortalité estivale, Bivalves

Thème (issu du Text Mining) : BIOCHIMIE - CHIMIE, MILIEU NATUREL, PROCEDES COMMUNS EPURATION ET TRAITEMENT

Date : 2009-02-26

Format : text/xml

Langue : Inconnu

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

Télécharger les documents : <https://archimer.ifremer.fr/doc/2009/these-6462.pdf>

<https://archimer.ifremer.fr/doc/00000/6462/>

Permalien : <https://www.documentation.eauetbiodiversite.fr/notice/exploration-fonctionnelle-de-genes-differentiellement-exprimes-entre-les-souches-d-huitres-creuses-c0>

Evaluer cette notice: