

Approches multifactorielles pour l'étude d'interactions entre l'huître creuse *Crassostrea gigas* et deux *Vibrio* pathogènes, *V. splendidus* et *V. aestuarianus* : épidémiologie, variabilité de la sensibilité de l'hôte et pathogénèse



Oyster production is the main aquaculture activity in France and is dominated by the rearing of *Crassostrea gigas*. In the aquatic ecosystems where the species is grown, bacteria of the genus *Vibrio* are found to be dominant. Two *Vibrio* species, *V. splendidus* and *V. aestuarianus*, are frequently associated with *Crassostrea gigas* summer mortality episodes. The aims of this work were to study *Vibrio*-oyster interactions and their modulations according to virulence mechanisms and to genetic and physiological parameters of the host. Using specific, sensitive and quantifying diagnostic tools developed in this study, as well as standardized experimental infection trials, some components of the virulence of *Vibrio* strains and host susceptibility were delineated and the dynamics of *Vibrio* infection characterized through pathogenesis studies. The study of the specific diversity of bacterial strains isolated during summer mortality events, on broad temporal and spatial scales, revealed an epidemiological association of the group *V. splendidus* and the species *V. aestuarianus*. Because a correlation has been observed between pathogenicity and metalloprotease

activity, a predictive phenotypic test of virulence was developed. Exploration of the synergy phenomenon between the pathogenicity of the two strains observed in experimental coinjection led to the characterisation of a system of quorum sensing controlling the production and transcriptional expression of the gene encoding metalloprotease Vsm and Vam at the intraspecific (*V. splendidus*) and interspecific level (*V. splendidus/V. aestuarianus*). The statistical analysis of mortality kinetics in half-sib diploid and triploid families subjected to experimental vibriosis by co-infection revealed an increased susceptibility of oysters during the period of active gametogenesis. The triploid oysters subjected to this same experimental infection did not show any significant advantage. The existence of a genetic basis for oyster susceptibility to experimental vibriosis was illustrated by the evaluation of the susceptibilities of fourteen families of the fifth generation (G5) from a program of divergent selection carried out within the MOREST oyster summer mortality research project. This study also allowed the description of co-infections involving the herpes OsHV-1 virus and *V. aestuarianus*, suggesting multi-etiological summer mortalities. A pathogenesis study on *V. splendidus* and *V. aestuarianus*, performed by cohabitation, was used to explore interactions between *C. gigas* and pathogenic *Vibrio* (*V. splendidus* and *V. aestuarianus*), or non pathogenic *Vibrio* found naturally in the endogenous flora of the oyster hemolymph or in the water of the aquaria. This new approach demonstrated a fast transmission of pathogenic *Vibrio* between infected oysters and sentinels, in less than two hours. Moreover, a significant early and transient disturbance of the defence response of the host was revealed at the transcriptional level during the first six hours of cohabitation. The differential loads of pathogenic and commensal *Vibrio* in oysters suggest the existence of discriminatory mechanisms, leading to a specificity of the response aiming to eliminate pathogenic *Vibrio* and maintain a potentially beneficial endogenous bacterial flora in *C. gigas*.

L'ostréiculture, dominée par l'élevage de l'huître creuse *Crassostrea gigas*, représente plus de 70% du chiffre d'affaire réalisé par l'aquaculture française. Au sein des écosystèmes aquatiques, les bactéries appartenant au genre *Vibrio* forment l'un des groupes bactériens les plus abondamment représentés. Deux espèces, *Vibrio splendidus* et *Vibrio aestuarianus*, sont fréquemment associées et de façon récurrente, à des mortalités sévissant dans les élevages d'huître creuse *Crassostrea gigas*, le plus souvent en période estivale. Ce travail de thèse avait pour objectifs d'étudier des interactions *Vibrio* huître et leurs modulations en fonction de la virulence des pathogènes et des paramètres génétiques et physiologiques de l'hôte. Le développement d'outils de détection et de quantification sensibles et spécifiques et la maîtrise de protocoles d'infection expérimentale à *Vibrio* ont permis d'explorer des mécanismes de virulence, d'étudier la variabilité de la sensibilité des huîtres à ces *Vibrio* et de caractériser la pathogénèse. L'étude de la diversité spécifique des souches bactériennes isolées dans un contexte de mortalité estivale sur une large échelle de temps et d'espace a permis de montrer la prédominance épidémiologique du groupe *V. splendidus* et de l'espèce *V. aestuarianus* associée aux épisodes de mortalité estivale de *C. gigas* en France. Une corrélation ayant été observée entre pouvoir pathogène et activité métalloprotéasique, un test phénotypique prédictif de la virulence des souches a été proposé. L'exploration du phénomène de synergie dans la pathogénicité des deux souches observé en coinjection expérimentale a conduit à la mise en évidence de l'existence d'un système de quorum sensing régulant aux niveaux intraspécifique (*V. splendidus*) et interspécifique (*V. splendidus/V. aestuarianus*) la production et l'expression au niveau transcriptionnel des gènes codant les métalloprotéases Vsm et Vam des deux souches étudiées. L'analyse statistique des cinétiques de mortalité obtenues chez des familles de demi-frères diploïdes et triploïdes soumises à un protocole de co-infection standardisée révèle une sensibilité accrue des huîtres à cette vibriose expérimentale, en période de gamétogenèse active. Les huîtres triploïdes soumises à cette même infection expérimentale n'ont présenté aucun avantage significatif. L'existence d'une base génétique de la sensibilité des huîtres aux vibrioses expérimentales a été illustrée par l'évaluation des sensibilités de quatorze familles de la cinquième génération (G5) issue du programme de sélection divergente réalisée dans le cadre de MOREST. Cette étude a également permis la description de co-infections à herpes virus OsHV-1 et *V. aestuarianus* suggérant une multi-étiologie des phénomènes de mortalité estivale. Une étude de pathogénèse à *V. splendidus* et *V. aestuarianus* réalisée par cohabitation a visé l'exploration des interactions liant l'huître creuse *C. gigas* et les *Vibrio* virulents, *V. splendidus* et *V. aestuarianus*, ou non virulents présents naturellement dans la flore endogène de l'hémolymphe ou dans l'eau des aquariums. Cette nouvelle approche a permis de mettre en évidence la rapidité de transmission des *Vibrio* virulents des huîtres infectées aux huîtres sentinelles en moins de deux heures, accompagnée d'une perturbation significative, précoce et transitoire de la réponse immunitaire de l'hôte au niveau transcriptionnel au cours des six premières heures de cohabitation. La prise en charge différentielle des *Vibrio* pathogènes et des

Vibrio commensaux par l'huître suggère l'existence de mécanismes conduisant à une spécificité des réponses de l'huître visant l'élimination des Vibrio pathogènes et le maintien d'une flore vibronacée endogène probablement bénéfique pour C. gigas

Auteurs du document : De Decker, Sophie

Obtenir le document : Université de La Rochelle

Mots clés : Bactériologie, Vibrio pathogène, Interactions Vibrio-huître, Crassostrea gigas, Vibrio splendidus, Vibrio aestuarianus, Epidémiologie, Facteurs de sensibilité

Thème (issu du Text Mining) : SANTE - HYGIENE - MICROORGANISME PATHOGENE, MILIEU NATUREL

Date : 2010-09-28

Format : text/xml

Langue : Inconnu

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

Télécharger les documents : <https://archimer.ifremer.fr/doc/00016/12697/9618.pdf>

<https://archimer.ifremer.fr/doc/00016/12697/>

Permalien : <https://www.documentation.eauetbiodiversite.fr/notice/approches-multifactorielles-pour-l-etude-d-interactions-entre-l-huitre-creuse-crassostrea-gigas-et-d0>

Evaluer cette notice:



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)

