

Structuration génétique d'une collection de souches de *Vibrio*. Contribution à la mise au point d'outils de typage moléculaire pour l'aide au diagnostic



Les bactéries du genre *Vibrio* représentent le groupe le plus fréquemment associé à des maladies infectieuses chez les mollusques marins. Ainsi chez l'huître creuse *Crassostrea gigas*, la majorité des *Vibrios* isolés d'animaux sains ou malades sont phénotypiquement classés dans un groupe de souches apparentées à *Vibrio splendidus*. Les récentes études phylogénétiques par séquençage du gène *gyrB*, ont permis de distinguer plusieurs espèces au sein de ce groupe (*V. splendidus*, *V. chagasii*, *V. cyclitrophicus*, *V. crassostreae*, *V. gigantis*). Toutefois, il subsiste toujours des imprécisions dans l'arbre phylogénétique *gyrB*. En effet, un groupe polyphylétique de 4 espèces reste jusqu'à présent indistinguable (*V. tasmaniensis*, *V. kanaloae*, *V. pomeroyi*, *V. lentus*). Pour envisager un accroissement de la résolution de cet arbre phylogénétique, un ensemble de 140 souches de *Vibrio* a été criblé par deux techniques de typage moléculaire : la PCR-RFLP, et le séquençage de gène d'intérêt comme le gène de l'ADNr-16S, ou encore le gène *gyrB*. À l'issue de cette étude, seulement trois souches ont été positionnées dans le groupe polyphylétique d'intérêt (P52, P54, 43N) au sein de l'arbre phylogénétique du gène *gyrB*. Deux de ces souches révèlent en infections expérimentales, un caractère pathogène pour l'huître creuse (P52 et P54). Ce faible nombre de souches d'intérêt a permis de renforcer l'idée de développer des outils moléculaires permettant un criblage rapide, pertinent et peu onéreux. Un travail de mise au point d'un test de macroarrays a donc été effectué. Cette technologie a démontré un caractère sensible (seuil limite de détection situé entre 4,7 et 9 ng/mL d'échantillon de gène marqué, et entre 0,1 et 1 µM pour les oligonucléotides cibles correspondant) et spécifique (7 signaux d'hybridation spécifique ont été détectés sur un essai de 8 membranes de spécificité).

Auteurs du document : Jaffres, Emmanuel

Mots clés : Mortalités estivales, Huître creuse, *Crassostrea gigas*, *Vibrio splendidus*, PCR-RFLP, Séquençage, Gène ADNr-16S, *GyrB*, Macroarrays

Thème (issu du Text Mining) : BIOCHIMIE - CHIMIE, MILIEU NATUREL

Date : 2005

Format : text/xml

Langue : Inconnu

Droits d'utilisation : 2005 Univ. La Rochelle, Ifremer, info:eu-repo/semantics/openAccess, restricted use

Télécharger les documents : <https://archimer.ifremer.fr/doc/00034/14479/11779.pdf>

<https://archimer.ifremer.fr/doc/00034/14479/>

Permalien : <https://www.documentation.eauetbiodiversite.fr/notice/structuration-genetique-d-une-collection-de-souches-de-vibrio-contribution-a-la-mise-au-point-d-outi0>

Evaluer cette notice: