

AVIS DE PRESENTATION DE THESE EN SOUTENANCE POUR L'OBTENTION DU DIPLOME NATIONAL DE DOCTEUR

Mademoiselle Estelle HARRRANG

Présentera ses travaux intitulés :

« Apport des informations moléculaires et cellulaires pour la caractérisation de la résistance de l'huître plate européenne vis-à-vis de la bonamiose, et pour la détection de signatures de la sélection naturelle »

Spécialité : Biologie marine

Le 12 juillet 2012 à 14h00

Lieu :

**Université de La Rochelle
Pôle Communication, Multimédia et Réseaux
Amphithéâtre
44 Av. Albert Einstein
17000 LA ROCHELLE**

Composition du jury :

Mme ARZUL Isabelle	Cadre recherche, IFREMER, La Tremblade
M. BONAMI Jean-Robert	Directeur de recherche, CNRS
M. BOUDRY Pierre	Cadre de recherche, HDR, IFREMER
Mme CROUAU-ROY Brigitte	Professeur, Université de Toulouse
M. DE MONTAUDOUIN Xavier	Maître de conférences, HDR, Université de Bordeaux
Mme GARCIA Pascale	Professeur, Université de La Rochelle
Mme LAPEGUE Sylvie	Cadre de recherche, HDR, IFREMER
Mme QUILLET Edwige	Directeur de recherche HDR, INRA

Résumé :

L'huître plate européenne, espèce endémique des côtes européennes, est classée depuis 2003 dans la catégorie des « espèces menacées et/ou en déclin ». En effet, les gisements naturels de cette huître, consommée depuis l'antiquité, ont été progressivement décimés par la sur-exploitation et par l'émergence successive de maladies parasitaires. Le parasite responsable de la maladie nommée bonamiose a notamment contribué à réduire de façon drastique la part de l'exploitation de cette huître dans l'activité aquacole française, et européenne. Les mollusques bivalves marins présentent deux caractéristiques qui restreignent de fait le potentiel d'action pour lutter contre les maladies : ils sont cultivés en milieu ouvert, et possèdent un système immunitaire inné dépourvu de la capacité de réponse adaptative. Dans ce contexte, la sélection d'animaux naturellement résistants pour la bonamiose est une voie prometteuse pour la relance de la culture de l'huître plate européenne. Afin de mieux comprendre le phénomène de résistance à la bonamiose, plusieurs études se sont focalisées sur

la compréhension des mécanismes de réponse de l'huître plate, et sur l'identification de régions génomiques potentiellement impliquées dans les mécanismes de résistance à la maladie.

Le présent travail de thèse se positionne dans ce contexte et consistait à améliorer la compréhension de la résistance de l'huître plate européenne vis-à-vis de la bonamiose, mais également à mieux caractériser la ressource génétique et la structuration de ses populations naturelles.

L'huître plate n'étant pas un organisme modèle, seule une carte génétique préliminaire était disponible chez cette espèce. Il a donc été nécessaire de développer de nouveaux outils moléculaires afin d'optimiser la couverture de son génome. Des marqueurs de type SNP (polymorphisme d'une seule base) ont ainsi été développés par séquençage de produits PCR et par séquençage à haut débit.

Afin d'améliorer la compréhension de la résistance à la bonamiose, trois expériences d'infection avec le parasite responsable de cette maladie ont été réalisées et ont permis de caractériser les phénotypes de réponse de l'huître plate à plusieurs échelles d'études.

1- À l'échelle inter-familiale, il s'agissait de détecter des régions du génome (QTL) associées aux mécanismes de réponse (survie / mortalité) à la bonamiose chez plusieurs familles d'huîtres. Cette approche a notamment permis d'identifier plusieurs régions génomiques d'intérêt communes entre les familles, et de nouvelles régions d'intérêt qui n'avaient pas encore été détectées.

2- À l'échelle intra-familiale, il s'agissait de détecter des régions génomiques associées à la régulation d'activités hématocytaires (QTL) ou dans l'expression de gènes (eQTL) préalablement identifiés comme potentiellement impliqués dans la réponse à la bonamiose. Cette approche n'avait encore jamais été utilisée chez un mollusque bivalve. Elle a notamment permis de mettre en évidence une concordance positionnelle entre les régions génomiques impliquées dans la survie ou la mortalité à la bonamiose et celles impliquées dans la régulation des réponses cellulaires et/ou moléculaires.

3- À l'échelle inter-populationnelle, il s'agissait d'étudier un éventuel différentiel de réponse à la bonamiose chez des huîtres provenant de trois populations naturelles géographiquement et écologiquement distinctes. Cette étude a notamment permis d'identifier une possible adaptation à la parasitose des huîtres provenant de la baie de Quiberon.

Afin de mieux caractériser les ressources naturelles de l'huître plate européenne, plusieurs populations couvrant l'ensemble de l'aire de distribution de l'espèce ont également été étudiées. Cette étude a permis de confirmer la forte diversité nucléotidique de l'huître plate, en évaluant pour la première fois la diversité génétique globale des populations naturelles d'un mollusque bivalve marin. Cette étude a également permis d'identifier une structuration génétique des populations, avec coïncidence entre les clines de fréquences alléliques des marqueurs moléculaires sous sélection positive ou divergente et les discontinuités biogéographiques.