

Introduction & Contexte

Les bivalves marins, sensibles aux variations environnementales sont souvent utilisées comme espèces bio-indicatrices de la qualité du milieu. Sur l'arc Atlantique français, le pétoncle noir (*Mimachlamys varia*) figure parmi les espèces de bivalves étudiées en écotoxicologie (Milinkovitch et al., 2015; Breitwieser et al., 2016 & 2017). Ces populations, soumises à différents types de pollutions chroniques font l'objet d'un monitoring sur plusieurs sites de la région Nouvelle-Aquitaine, et ce depuis quelques années. Ce suivi cible des dosages de polluants chimiques et de biomarqueurs de pollution, indicateurs de la santé physiologique des individus.

En revanche, peu de données génétiques existent sur ce modèle. Nous avons donc récemment entrepris d'obtenir des données génétiques et transcriptomiques dans le but i) d'étudier la structure des populations de cette espèce le long de l'arc atlantique, ii) de déterminer s'il existe une relation entre le niveau de pollution et la diversité génétique populationnelle, et iii) d'évaluer les réponses transcriptomiques des pétoncles à différents niveaux de contamination.

Modèle d'étude & Stratégie d'échantillonnage

Le pétoncle noir *M. varia* est un mollusque marin vivant dans les zones subtidales. Cette espèce est connue pour bio-accumuler des contaminants chimiques (hydrocarbures, PCB, pesticides, métaux lourds). Par ailleurs, ce bivalve souffre de la mortalité des larves lorsqu'il est soumis à de fortes concentrations de contaminants, pouvant avoir une incidence sur la taille des populations locales et la diversité génétique. Nous avons collecté des pétoncles noirs sur 13 sites (30 individus / site) en 2016 le long de la frange littorale Atlantique (voir carte).



Sites échantillonnés:	1 Plougastel	4 Auray	7 Carénage	10 Angoulins
	2 Troveoc	5 Loix	8 Pluviaux	11 Ile d'Aix
	3 Erdeven	6 Port-Neuf	9 Exutoire dragage	12 Les Palles
				13 Oléron

Données génétiques et transcriptomiques obtenues

Séquences du gène mitochondrial *cox1* (444 pb) obtenues:

- Pour 485 individus
- Prélevés sur 13 sites

Transcriptome de référence établi à partir d'un individu:

- Avec 5 types de tissus: branchies, gonades, muscle adducteur, glande digestive, manteau
- Poolés
- banque séquencée en Illumina paired end (2 x 300 pb)

Diversité génétique

Table I : Diversité génétique mitochondriale pour chaque site prélevé en 2016

	Nind	H	π	Hd
Troveoc	30	3	$3.00 \cdot 10^{-4}$	0.13
Carénage	29	3	$4.55 \cdot 10^{-4}$	0.20
Pluviaux	25	4	$10.5 \cdot 10^{-4}$	0.30
Angoulins	30	4	$7.20 \cdot 10^{-4}$	0.30
Oléron	29	6	$9.21 \cdot 10^{-4}$	0.37
Ile d'Aix	27	3	$5.01 \cdot 10^{-4}$	0.15
Plougastel	26	1	0	0
Auray	29	6	$9.32 \cdot 10^{-4}$	0.32
Erdeven	25	7	$14.3 \cdot 10^{-4}$	0.49
Les Palles	30	3	$4.40 \cdot 10^{-4}$	0.19
Port-Neuf	24	2	$1.88 \cdot 10^{-4}$	0.08
Loix	15	2	$3.00 \cdot 10^{-4}$	0.13
Exutoire dragage	28	3	$4.71 \cdot 10^{-4}$	0.20
Total	347	20	-	-

Légende: Nind : nombre d'individus; H : nombre d'haplotypes identifiés ; π : diversité nucléotidique ; Hd : diversité haplotypique

→ Différences de diversité génétique parmi les 13 sites d'étude susceptibles d'être en lien avec des différences de contamination chronique des milieux littoraux

→ Pas de différenciation génétique entre ces sites de l'arc Atlantique

→ En perspective, un modèle statistique COMDIM (Cariou et al., 2017) permettra de faire le lien entre les variables de contaminants, les données génétiques, physiologiques et environnementales

Structure génétique

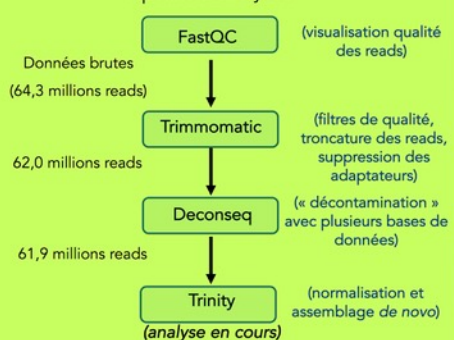
Global $F_{ST} = 0,007$ ($p > 0,05$)



Pétoncle noir
Mimachlamys varia

Transcriptome de référence

Pipeline d'analyses



→ Données de bonne qualité et contenant peu de reads de contaminants

→ Les contigs annotés seront déposés sur Genbank

→ Le transcriptome de référence facilitera l'analyse de données RNAseq comparant l'expression de gènes entre différents conditions de contamination *in situ* (tissu ciblé : glande digestive)