

Les structures génotypiques multilocus des populations d'huîtres plates en France

Françoise BLANC
Charles-Pierre BLANC

RESUME La structure génétique des populations de l'huître plate *Ostrea edulis* est décrite sur la base des génotypes multilocus. Associée au traitement des données de type multivarié, cette nouvelle procédure permet d'identifier les sous-ensembles génétiques intrapopulationnels qui peuvent être repérés dans un échantillon composite résultant de transferts comme dans la lagune de Thau.

- FRANCE
- GENETIQUE DES POPULATIONS
- GENOTYPES MULTILOCUS
- HUITRE PLATE
- OSTREA EDULIS

ABSTRACT The genetic structure of populations of the flat oyster *Ostrea edulis* is described on the basis of multilocus genotypes. This new procedure joined with multivariate analysis of data provides an accurate identification of intrapopulation subsets as genetic markers in a mixed stock like in the Thau lagoon.

- FLAT OYSTER
- FRANCE
- MULTILOCUS GENOTYPES
- OSTREA EDULIS
- POPULATION GENETICS

RESUMEN La estructura genética de las poblaciones de ostra plana *Ostrea edulis* se describe sobre la base de los genotipos multilocus. Asociado al tratamiento de datos de tipo multivariante, este nuevo procedimiento permite determinar los subconjuntos genéticos intrapoblacionales identificables en una muestra compuesta resultante de transferencias como en la laguna de Thau.

- FRANCIA
- GENETICA DE POBLACIONES
- GENOTIPOS MULTILOCUS
- OSTRA PLANA
- OSTREA EDULIS

La gestion des stocks d'une espèce exploitée conduit à se poser deux ensembles de questions concernant la caractérisation de leur patrimoine génétique. Celles qui estiment, d'une part, l'échelle de différenciation des populations dans l'aire de distribution de l'espèce et d'autre part, les réserves de variabilité, la structure du polymorphisme, le marquage génétique propres à chaque stock. Des réponses à ces questions peuvent permettre soit d'orienter les actions de protection ou de repeuplement soit de déterminer l'origine des géniteurs pour assurer, dans un élevage, une descendance suffisamment polymorphe pour s'adapter à un éventail assez large de facteurs de l'environnement.

La différenciation des populations dépend pour partie des sélections différentielles induites par l'hétérogénéité de la niche écologique que l'espèce appréhende au cours de son cycle biologique. La dépendance des espèces animales vis-à-vis de leur environnement semble devoir être plus étroite chez celles qui sont sédentaires et se nourrissent en filtrant l'eau de mer comme les Mollusques Bivalves. Ainsi, on pourrait attendre une grande divergence entre les populations d'Atlantique-Manche et celles de Méditerranée, de l'huître plate *Ostrea edulis*. L'influence de certaines épizooties affectant localement et, semble-t-il, en Atlantique seulement, la quasi totalité d'un stock est de nature à renforcer la divergence ; la population reconstituée à partir d'un petit nombre de géniteurs survivants ne renferme en effet qu'une partie du patrimoine génétique d'origine.

Les échanges naturels de larves planctoniques ont au contraire tendance à homogénéiser les populations ; mais, dans le cas de l'huître plate, exploitée sur les côtes françaises depuis quelques siècles, les actions anthropiques de transfert ont également dû jouer un rôle uniformisant non négligeable : les gènes étant véhiculés bien plus rapidement par des camions que par les larves dont la survie dépasse rarement quinze jours et dont le trajet dépend de la courantologie côtière et des conditions hydrologiques.

Dans ces conditions, les bancs d'huîtres plates existant

actuellement, sur les côtes atlantique et méditerranéenne sont-ils différenciables autrement que par les qualités gustatives reconnues par les gastronomes ? Ils ne le sont pas par leur morphologie qui est conservatrice, mais le développement des techniques biochimiques et moléculaires, depuis une vingtaine d'années, a permis une approche assez rigoureuse de leur différenciation génétique. La séparation par électrophorèse des différents phénotypes d'une enzyme donnée, recensés dans un échantillon de population, fournit une image de sa diversité ; cette méthode appliquée à plusieurs protéines enzymatiques permet sous l'hypothèse de condominance, une estimation de la divergence génétique interpopulationnelle et de la diversité intrapopulationnelle.

Matériel et méthodes

Des huîtres plates ont été échantillonnées dans six bancs naturels atlantiques et quatre méditerranéens.

L'analyse de dix systèmes enzymatiques codés par 17 locus génétiques structuraux a fourni un premier descriptif génétique de ces stocks de géniteurs. Le groupe Atlantique-Manche incluant l'échantillon de Thau, apparaît distinct du groupe méditerranéen. Ce résultat pourrait suggérer la participation à la reproduction du stock autochtone de la lagune de Thau, d'huîtres transférées de l'Atlantique. L'exploitation des mêmes données électrophorétiques permet également de caractériser la diversité génétique intrapopulationnelle de chaque échantillon. Ainsi la diversité apparaît nettement plus élevée dans les stocks méditerranéens y compris à Thau que dans ceux de la façade Atlantique-Manche (Blanc F. et al., 1985).

Bien que les résultats résumés ci-dessus fournissent des informations importantes, elles sont obtenues par le traitement de fréquences alléliques moyennes caractérisant chaque échantillon. Le traitement des données électrophorétiques au niveau individuel est de nature à procurer un gain d'information en permettant de caractériser les associations entre plusieurs locus ou associations multilocus.

Cette démarche nécessite l'emploi de traitements des données de type multivarié susceptible d'appréhender les associations génotypiques globalement et d'analyser les informations notamment au niveau intrapopulationnel.

Un total de 533 huîtres plates traité par ces méthodes a permis de recenser 109 associations génotypiques entre les six locus polymorphes. Une cartographie tridimensionnelle fournit la distribution des structures génotypiques multilocus existant dans les dix échantillons sur une grille commune identifiant les 109 associations recensées. La hauteur de chaque prisme est proportionnelle à la fréquence de l'association et le code des couleurs facilite le repérage de 6 catégories géographiques.

Résultats

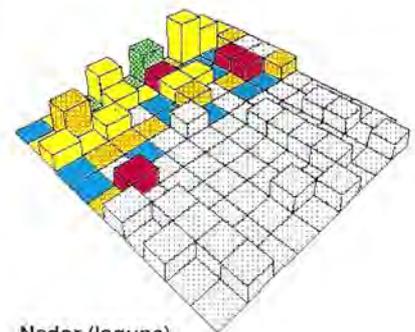
Le mode de représentation cartographique adopté permet d'appréhender, d'une part, la distribution des structures génotypiques à l'intérieur de chaque échantillon, la diversité apparaissant proportionnelle au nombre de cases occupées et, d'autre part, de comparer les échantillons entre eux.

En dépit de la forte corrélation existant entre la taille de l'échantillon et le nombre des associations génotypiques, la distribution de la diversité intrapopulationnelle s'avère très différente.

La composition multilocus de l'échantillon de Quiberon apparaît caractéristique d'une faible diversité génétique interne et d'une structure génétique intrapopulationnelle relativement homogène : 18 génotypes multilocus seulement y sont recensés dont quatre sont très fréquents (30% à 9%) ; de plus, 54% des huîtres de Quiberon possèdent une structure entièrement homozygote aux six locus polymorphes. A l'opposé, 36 structures multilocus différentes sont représentées dans l'échantillon très diversifié de Nador ; chacune d'elles renferme au moins un hétérozygote (Jaziri H. et al., sous presse).

Parmi les échantillons de l'Atlantique, ceux de Belle-Ile et de Quiberon possèdent les structures les plus homogènes ; par contre, ceux de Cancale et de la baie de l'Odet sont plus diversifiés. En déduire que les deux premiers sites sont plus contraignants, plus sélectifs et n'autorisent qu'un nombre limité d'associations génotypiques est prématuré ; une telle affirmation nécessiterait, d'une part, un suivi génétique temporel de ces populations et, d'autre part, un traitement des données plus complet. L'examen de l'échantillon de Saint-Quay-Portrieux mérite quelques commentaires : en effet, une analyse classique (Le Penne M. et al., 1985) n'avait pas permis de différencier le « Pied de cheval », écomorphe d'eau profonde, de son voisin géographique, l'échantillon de Cancale ; l'approche nouvelle de la différenciation révèle son originalité.

Mis à part l'échantillon de taille trop faible de Saint-Cyprien, la diversité des trois autres populations de Méditerranée est très élevée ; de plus, elles contiennent toutes un grand nombre d'associations uniques, spécifiques, témoins d'une large richesse génétique. L'analyse des 39 associations présentes à Thau révèle que 18% d'entre elles existent uniquement ou majoritairement en Atlantique et pourraient témoigner d'un apport, dans cette lagune, d'huîtres plates d'origine atlantique.



Nador (lagune)

Structures génotypiques multilocus

- spécifiques de l'Atlantique
- spécifiques de la Méditerranée
- présentes en Atlantique et Méditerranée
- id., mais plus fréquentes en Atlantique
- id., mais plus fréquentes en Méditerranée
- spécifiques de chaque population

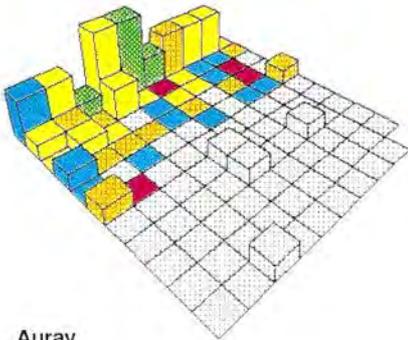
Références bibliographiques

BLANC F., PICHOT P. et ATTARD J., 1985, « Genetic variability in the European oyster *Ostrea edulis* ; geographic variation between local French stocks », *Genetics in Aquaculture*, 2nd International Symposium, Davis, G.A.E. Gall and C.A. Busack Ed. Elsevier, pp. 362-363.

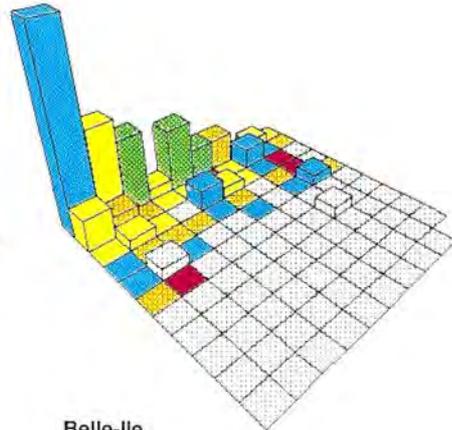
JAZIRI H., DURAND P., PICHOT P. et BLANC F., sous presse, « Genetic diversity between and within populations of the European oyster *Ostrea edulis* », EIFAC/FAO Symposium on Selection, Hybridization and Genetic Engineering in Aquaculture of Fish and Shellfish for Consumption and Stocking, Bordeaux, 27-30 mai 1986.

LE PENNEC M., MORAGA D., BLANC F., PICHOT P. et THIRIOT-QUIEVREUX C., 1986 (1985), « Recherche des différences morphogénétiques, biochimiques et cytogénétiques entre *Ostrea edulis* sensu stricto et *Ostrea edulis* « Pied de cheval », *Vie Marine*, 7, pp. 29-39.

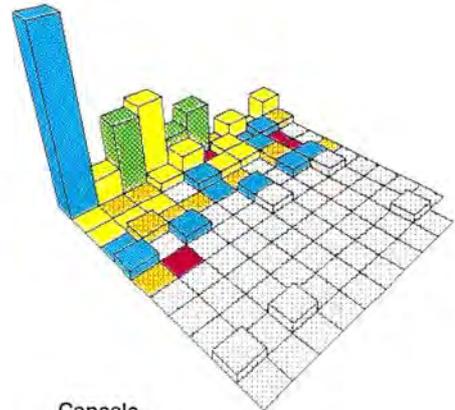




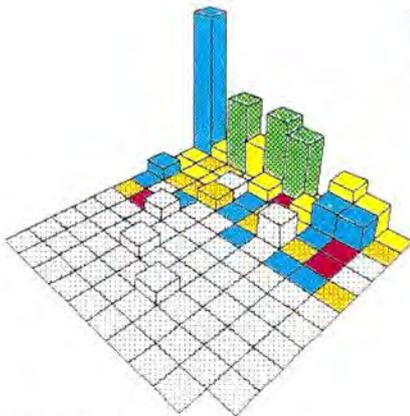
Auray



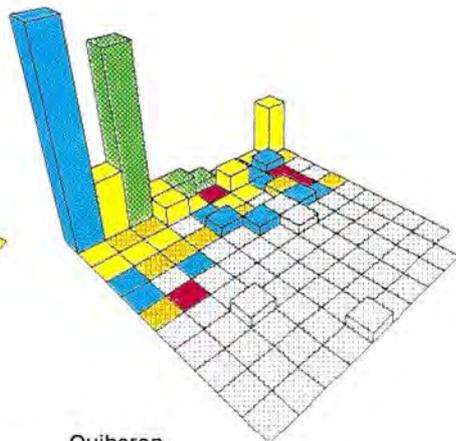
Belle-Ile



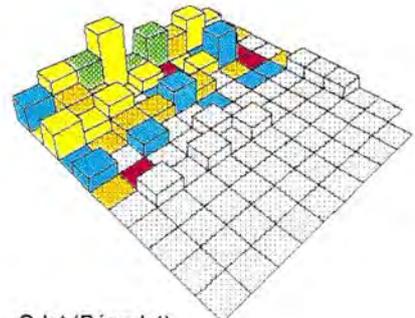
Cancale



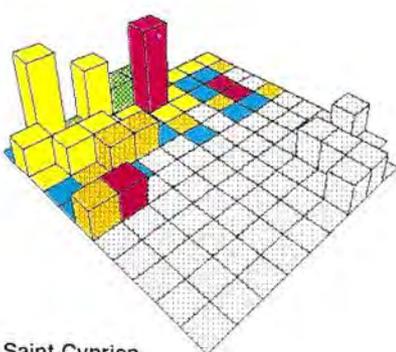
Saint-Quay-Portrieux
(Pied de cheval)



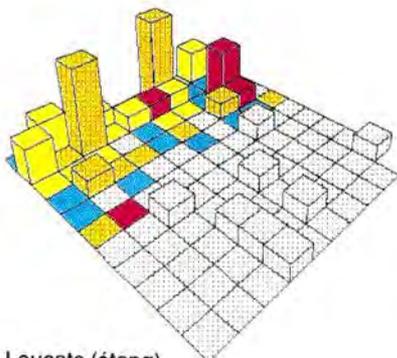
Quiberon



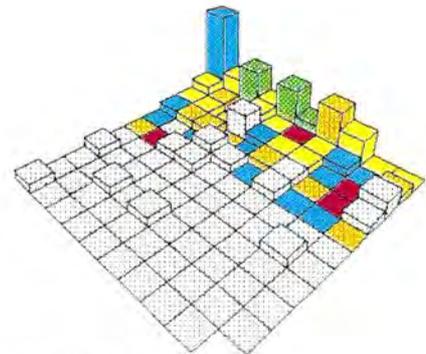
Odet (Bénodet)



Saint-Cyprien



Leucate (étang)



Thau (étang)