

L'ADN DE L'HUÎTRE PERLIÈRE DÉCODÉ

CONTACTS IFREMER

Direction de la Communication :
presse@ifremer.fr

Centre Ifremer du Pacifique :
dir.cop@ifremer.fr

Céline Reisser :
celine.reisser@ifremer.fr

MOTS CLÉS

recherche, innovation,
appui aux politiques publiques

La perliculture fait face à une diminution de la qualité des perles, ainsi qu'au changement climatique. Les mécanismes contrôlant la fabrication des perles et l'adaptation des huîtres aux conditions environnementales sont encore mal connus. Afin de mieux comprendre leurs déterminants génétiques, le génome de l'huître perlière de Polynésie, (c'est-à-dire l'ensemble de ses gènes), a été entièrement séquencé pour la première fois.

LE PROJET

- **Nom** : Ameligen (Amélioration génétique de l'huître perlière *P. margaritifera* en Polynésie Française)
- **Dates** : 2016-2019
- **Objectifs** : Caractériser la diversité des huîtres perlières, en vue de leur amélioration génétique.
- **Résumé** : La totalité du génome a été séquencée. Il sera utilisé pour des études sur l'écologie et l'évolution de l'huître perlière.

DÉROULÉ DU PROJET

Une huître mâle sauvage de grande taille a été choisie pour établir le génome de référence. Après avoir prélevé un échantillon, l'ADN a été extrait puis entièrement séquencé. Les gènes présents dans le génome ont été identifiés par des techniques basées sur l'ARN (Acide ribonucléique), et des modèles moléculaires (prédiction de structures de gènes puis recherche dans le génome). Les séquences des gènes identifiés ont été transformées en séquences des protéines codées, qui permettent une comparaison de l'évolution des génomes entre espèces. Les protéines obtenues ont été comparées avec celles, déjà connues, de six espèces de mollusques proches : quatre bivalves et deux gastéropodes. Le but était de reconstituer l'histoire évolutive de la famille de l'huître perlière.



Une des deux valves de l'huître perlière séquencée.
© Ifremer | DR

RÉSULTATS

Le génome de l'huître perlière *Pinctada margaritifera* contient 1,3 milliard de paires de bases. Il est plus long que ceux des autres espèces du genre *Pinctada*, qui ne dépassent pas un milliard de paires de bases. L'huître possède 54 000 gènes. 101 familles de gènes (qui regroupent les gènes issus d'un gène ancestral commun) lui sont spécifiques. Pour le moment, 79 d'entre eux ont été associés à une fonction.

POURSUITE

L'étude est toujours en cours pour décrire le génome et préciser l'histoire évolutive de la famille de l'huître perlière. Ce génome servira aux études sur les mécanismes moléculaires qui gouvernent la fabrication des perles (couleur, qualité...), la taille des huîtres, leur capacité d'adaptation à l'environnement ou encore la détermination génétique du genre.

ÉQUIPES IFREMER IMPLIQUÉES

- Unité Ressources marines en Polynésie française (Tahiti)
- Unité Interaction hôtes pathogènes environnement (Montpellier)
- Département Infrastructures de recherche et systèmes d'Information - service de Bioinformatique (Brest)

PARTENAIRES

- Direction des ressources marines
- CNRS
- IRD (Institut de recherche pour le développement)
- Université de Polynésie Française
- Université de Montpellier
- Université Perpignan Via Domitia
- Criobe (Centre de recherches insulaires et observatoire de l'environnement)
- Groupements d'intérêt économique fédérant des perliculteurs

PORTEUR DU PROJET

- Ifremer

FINANCEUR

- Direction des ressources marines