

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

Monsieur Antoine JOURDAN

Présentera ses travaux intitulés :

« **Mise en place d la sélection génomique Chez l'Huître creuse *Crassostrea gigas*** »

Spécialité : Physiologie, biologie des organismes, populations, interactions

Le 13 septembre 2023 à 14h00

Lieu

**Université de Rennes
Campus de Beaulieu
263 avenue Général Leclerc
CS 74205
35042 RENNES CEDEX**

Composition du jury :

**M. BOUDRY Pierre
Mme GILBERT Hélène
Mme LALLIAS Delphine
Mme LAPEGUE Sylvie
M. MORVEZEN Romain (*Invité*)
Mme PHOCAS Florence (*Invitée*)
M. ROGNON Xavier**

**Directeur de recherche, IFREMER
Directrice de recherche, Université Toulouse
Chargée de recherche, Université Paris-Saclay
Directrice de recherche, IFREMER
Ingénieur R&D, SYSAAF
Directrice de recherche, Université Paris-Saclay
Professeur, AggroParisTech**

Résumé :

Suite à son introduction à la fin des années 1960, l'huître creuse du Pacifique (*Crassostrea gigas*) est rapidement devenue une des espèces majeures de la conchyliculture en France et en Europe. Le développement de la production de naissain en écloséries a notamment permis d'initier la triploïdisation et des programmes d'amélioration génétique, par la sélection massale ou familiale avec l'appui du SYSAAF. Les outils génomiques ouvrent aujourd'hui de nouvelles méthodes visant à optimiser cette amélioration par la sélection génomique (SG). Ainsi, une puce contenant 40K marqueurs SNP a été utilisée pour génotyper des huîtres issues de 3 populations permettant de retenir environ 12K SNP informatif dans chacune d'entre elles. Cela a permis d'étudier leur diversité, leur structure génétique, et d'estimer l'intérêt d'une sélection génomique pour différents caractères. Nous avons estimé les tailles efficaces de ces populations (de 59 à 107), le déséquilibre de liaison entre les marqueurs successifs ($r^2 \sim 0,10$), et les héritabilités de différents caractères (entre 0,04 et 0,69) : croissance, de rendement en chair, de couleur de la coquille, résistance à OsHV-1 et/ou à *Vibrio aestuarianus*. Selon nos estimations, la SG présente une efficacité supérieure de 6 à 60% par rapport à une sélection sur pedigree pour l'ensemble de ces caractères étudiés. Ces caractères sont en effet très polygéniques et seuls quelques QTL associés à la couleur et à la résistance aux maladies ont pu être identifiés. Des voies d'optimisation des programmes de sélection génomique de *C. gigas*, en cours dans les écloséries françaises adhérentes du SYSAAF, sont ainsi proposées.