

 Inhalt archiviert am 2024-04-19

Die Überlebensraten der Pazifischen Auster erhalten

EU-unterstützte Forschende haben genetische Unterschiede in bestimmten Familien der Pazifischen Auster mit besseren Überlebensraten bei einer hochansteckenden Herpesvirus-erkrankung entdeckt. Hierdurch rückt die Industrie der Zucht von krankheitsresistenten Pazifischen Austern einen Schritt näher.



© JIANG HONGYAN, Shutterstock

Crassostrea gigas (*C. gigas*), gemeinhin als Pazifische Auster bezeichnet, ist die weltweit meistgezüchtete Auster. Hierfür gibt es zwei Gründe: sie kann einfach angebaut werden und hält verschiedenen Umweltbedingungen stand. Über die vergangenen Jahrzehnte ist die nachhaltige Produktion dieses kommerziell wichtigen Schalentiers allerdings global durch eine Infektionskrankheit bedroht gewesen, die durch Ostreid herpesvirus 1 (OsHV-1) verursacht wird.

Durch das EU-finanzierte Projekt VIVALDI (Preventing and mitigating farmed bivalve diseases) unterstützte Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler haben jetzt genetische Unterschiede bei manchen Familien der Pazifischen Auster entdeckt, die eine Resistenz gegen OsHV-1 zeigen. Da diese Familien bessere Überlebensraten gegen die Erkrankung aufwiesen, könnte die Auswahl solcher Individuen als Ausgangsbasis für die nächste Generation von *C.-gigas*-Austern dabei helfen, das Überleben bei einem Ausbruch von OsHV-1 zu verbessern.

Das Virus in Aktion

OsHV-1 ist eine hochansteckende Viruserkrankung, die mit einer erhöhten Sterblichkeit bei Pazifischen Austern verbunden ist. Obgleich auch adulte Austern

(mit einer Sterblichkeitsrate von 10 bis 30 %) anfällig sind, sind Jungaustern, deren Sterblichkeit bis zu 100 % erreichen kann, am stärksten betroffen. Laut einem [Artikel](#) , der auf „The Fish Site“ veröffentlicht wurde, „kann das OsHV-1-Virus mehrere andere zweiklappige Arten infizieren – darunter die Miesmuschel, die Europäische Auster, die Donax hanleyanus und die große Jakobsmuschel. Dies demonstriert die Robustheit und Anpassungsfähigkeit von OsHV-1 in einer Vielzahl von Wirten, die es nach der Erkennung in einem System zu einer überaus großen Bedrohung macht.“

Das Forschungsteam verwendete Proben, die von einer C.-gigas-Austernpopulation stammten, nachdem im Meer die durch OsHV-1 verursachte Erkrankung ausgebrochen war. Zur Bestimmung der genetischen Marker, die sich auf das Überleben der zweiklappigen Tiere gegenüber dem Virus auswirken, wurden Gewebeproben von einer gleichen Anzahl von toten und überlebenden Austern genommen. „Die ausgewählten Schalentiere wurden unter Verwendung einer 40 000 Einzelnukleotid-Polymorphismus-Anordnung (SNP) (Thermo-Fisher, AXIOM) genotypisiert“, heißt es in dem Artikel. „Die Daten (Überlebensphänotyp und -genotyp) wurden analysiert, um SNP-Marker und/oder quantitative Merkmalsloci (Quantitative Trait Loci, QTL) zu erkennen, die mit dem Überleben bei OsHV-1-Befall zusammenhängen. So konnten zwei signifikante Genomregionen erkannt werden.“

Es wurde festgestellt, dass zwei genetische Marker etwa 50 % der genetischen Variation für das Überleben gegen das OsHV-1-Virus erklären, und somit der Industrie dabei helfen können, das Überleben der Pazifischen Auster durch eine optimierte Auswahl zu verbessern. Genetische Marker, die als wirksam gegen kardiale und pankreatische Erkrankungen bei gezüchtetem Atlantischem Lachs erkannt wurden, wurden jetzt als QTL-Produkte in die Lachsfischerei übernommen. In gleicher Weise haben „die QTL-Marker, die für das Überleben bei OsHV-1-Befall erkannt wurden, ein starkes Potenzial für die Pazifische Austernindustrie“, schreiben die Verfasser des Artikels Dr. Muhammad Luqman Aslam von VIVALDI-Projektpartner Nofima (Norwegen) und Dr. Jean-Baptiste Lamy von Projektkoordinator Ifremer, dem französischen Nationalinstitut für Meeresforschung.

Dr. Lamy vertritt die Auffassung, dass „die Ergebnisse dieser Studie über genetische Variationen und die QTL-Erkenntnisse, die einen wesentlichen Anteil der genetischen Varianz erklären, Austernzuchtunternehmen von der Implementierung sorgfältiger gestalteter Zuchtprogramme und von der Erprobung fortschrittlicher – aber relativ kapitalintensiver und effizienter – Lösungen wie der Marker-unterstützten Auswahl und/oder Genomselektion überzeugen können.“ VIVALDI wurde über ein Konsortium von 21 Partnern aus zehn Ländern durchgeführt. Das vierjährige Projekt endete im Februar 2020.

Weitere Informationen:

[VIVALDI Projektwebsite](#) 

Schlüsselbegriffe

VIVALDI, Pazifische Auster, Muschel, Crassostrea gigas, Herpesvirus, OsHV-1, genetischer Marker

Verwandte Projekte

	Preventing and mitigating farmed bivalve diseases
VIVALDI	
6 September 2024	
PROJEKT	

Verwandte Artikel

 <p>ERGEBNISSE IN KÜRZE</p>	Die Rolle der aquatischen Wirt-Mikroben-Interaktion bei der Entstehung von Pathogenen
	
	30 September 2019



ERGEBNISSE IN KÜRZE

Können kommerziell genutzte Schalentiere im Klimawandel bestehen?



6 März 2018

Letzte Aktualisierung: 17 Mai 2021

Permalink: <https://cordis.europa.eu/article/id/429970-keeping-the-pacific-oyster-s-survival-rates-up/de>

European Union, 2025