



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

Madame Camille PELLETIER

Présentera ses travaux intitulés :

« Diversité et évolution de l'Ostreid Herpesvirus type 1 »

Spécialité : Biologie des organismes

Le 24 novembre 2023 à 9h00

Lieu :

**La Rochelle Université
Pôle Communication, Multimédia et Réseaux
Amphithéâtre Michel Crépeau
44 Av. Albert Einstein
17000 LA ROCHELLE**

Composition du jury :

**M. BERTHET Nicolas
Mme CANINI Laetitia (*Invitée*)
Mme HERNIOU Elisabeth
Mme MARTENOT Claire (*Invitée*)
M. MORGA Benjamin
Mme PAILLARD Christine
Occidentale
M. PERNET Fabrice
M. TRISAN Renault**

**Chargé de recherche, HDR, Institut Pasteur
Chargée de recherche, ANSES Maisons Alfort
Directrice de recherche CNRS, Université de Tours
Chargée de recherche, ANSES Niort
Chargé de recherche, IFREMER La Tremblade
Directrice de recherche CNRS, Université de Bretagne
Occidentale
Chargé de recherche, HDR, IFREMER Brest
Directeur de recherche, Centre Atlantique Nantes**

Résumé :

L'utilisation des nouvelles générations de séquençage (NGS) pour étudier et surveiller les agents pathogènes chez les mollusques bivalves est cruciale pour anticiper la détection de nouveaux agents pathogènes ou l'émergence de nouveaux génotypes. Améliorer nos connaissances et nos techniques de caractérisation génomique permet de mieux appréhender le cycle de vie de ces agents pathogènes, leurs interactions avec les hôtes et de caractériser leur capacité d'adaptation et d'évolution. L'Ostreid Herpesvirus 1 (OsHV-1), responsable chaque année de fortes mortalités chez les larves et les juvéniles d'huîtres creuses *Magallana gigas*. Ce virus a également été détecté chez d'autres espèces de bivalves associés à des mortalités. L'étude du génome d'OsHV-1 est rendue complexe par *i*) l'impossibilité de le cultiver *in vitro* car aucune lignée cellulaire pour le propager n'est disponible *ii*) la présence de grandes régions répétées inversées. En 2019, seuls six génomes du virus OsHV-1 étaient disponibles dans les bases de données publiques, limitant ainsi considérablement notre compréhension de sa diversité spatio-temporelle et parmi différentes espèces hôtes. Dans ce contexte, mes travaux de thèse ont été consacrés à l'acquisition et à l'assemblage de plus de 400 génomes du virus OsHV-1, grâce au développement d'un pipeline bioinformatique spécifiquement conçu pour son analyse génomique. L'analyse de ces génomes a permis de comprendre la structuration spatio-temporelle des populations du virus OsHV-1, notamment en lien avec les mouvements d'huîtres entre différentes zones ostréicoles en France. En complément, les résultats obtenus ont permis de caractériser l'isolement génétique des génotypes viraux de l'huître creuse *M. gigas* vis-à-vis de ceux retrouvés chez l'huître plate *Ostrea edulis* et d'inférer des fréquences de transmissions du virus inter-espèces quasi-nulles. Enfin, dans une approche d'évolution expérimentale, l'impact du fond génétique de l'hôte sur la diversité virale a été étudié, révélant l'influence conjointe de la dérive génétique et de la sélection essentiel dans l'évolution du virus OsHV-1. L'ensemble de ces travaux a contribué de manière significative à l'acquisition d'un grand nombre de données génomiques, favorisant ainsi une compréhension plus approfondie de la diversité, de l'évolution et de l'adaptation du virus à son hôte.