



Avis de Soutenance

Madame Aurélie DOTTO-MAUREL

Spécialité : Aspects moléculaires et cellulaires de la biologie

Soutiendra publiquement ses travaux de thèse intitulés

« Caractérisation génomique et transcriptomique du cycle de vie de l'herpèsvirus OsHV-1 au cours de son cycle viral chez son hôte *Magallana gigas* »

dirigés par Monsieur Germain CHEVIGNON

Soutenance prévue le **vendredi 24 octobre 2025** à 9h00

Lieu : La Rochelle Université
Amphithéâtre Michel Crépeau
23 avenue Albert Einstein BP 33060
17031 La Rochelle

Composition du jury proposé

M. Germain CHEVIGNON	IFREMER	Directeur de thèse
Mme Elizabeth HUGHET	Université de Tours	Rapporteure
Mme Audrey ESCLATINE	Université Paris Saclay	Rapporteure
M. Alain VANDERPLASSCHEN	Université de Liège	Examineur
M. Tim BEAN	Roslin Institute	Examineur

Résumé :

Depuis les années 1990, l'huître creuse *Magallana gigas* (anciennement *Crassostrea gigas*) connaît d'importantes mortalités aux stades larvaire et juvénile, associées à l'Ostreid herpesvirus de type 1 (OsHV-1). Ce virus à ADN double brin, appartenant à l'ordre des Herpesvirales et à la famille des Malacoherpesviridae. Le cycle de vie du virus OsHV-1 comporte deux phases : une phase lytique, responsable de mortalités massives du naissain et d'une forte excrétion de particules virales dans l'eau, et une potentielle phase de persistance, durant laquelle il se maintiendrait sous une forme encore indéterminée dans un réservoir non identifié. La structure des particules virales du virus OsHV-1 est similaire à celle des Orthoherpesviridae, et son organisation génomique, comparable à celle des Alphaherpesvirinae, comporte deux régions uniques encadrées de séquences répétées et inversées pouvant permuer et former des isomères génomiques. En raison de cette complexité génomique, les approches de séquençage à lectures courtes ne permettent pas un assemblage complet du génome viral ni l'identification précise des isomères. Dans ce contexte, cette thèse visait à : (i) évaluer les performances du séquençage à longues lectures Oxford Nanopore Technologies (ONT), (ii) caractériser la plasticité de l'architecture génomique et la dynamique transcriptionnelle du virus OsHV-1 en phase lytique *M. gigas*, et (iii) d'identifier les réservoirs potentiels du virus OsHV-1 durant sa phase de persistance et d'en caractériser les mécanismes moléculaires. Les résultats obtenus démontrent que la technologie ONT constitue un outil performant pour surmonter les limites du séquençage à lectures courtes. Ils révèlent également une dynamique d'expression génique en phase lytique similaire à celle d'autres herpesvirus et apportent des éléments en faveur d'une persistance du virus sous forme latente dans le naissain de *M. gigas*. Ces travaux représentent une avancée importante dans la compréhension des interactions entre OsHV-1 et *M. gigas*, et ouvrent la voie à de nouvelles approches de gestion des maladies virales en ostréiculture.