



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

Madame Aurélie MESNIL

Présentera ses travaux intitulés :

« Émergence, dynamique évolutive et écologie de lignées pathogènes de bivalves marins au sein de l'espèce bactérienne *Vibrio aestuarianus* »

Spécialité : Biologie des organismes

Le 11 octobre 2022 à 14h00

Lieu :

**La Rochelle Université
Maison des Sciences de l'Ingénieur
Amphi 100 (rez-de-chaussée)
Av. Becquerel
17000 LA ROCHELLE**

Composition du jury :

**M. BAILLY Xavier
Mme DESTOUMIEUX-GARZON Delphine
Mme GAUDRIault Sophie
Mme GRABER Marianne
Mme JACQUOT Maude
Mme PAILLARD Christine
M. REYNAUD Yann
Mme TRAVERS Marie-Agnès**

**Ingénieur de recherche INRAE, HDR, Centre INRAE de Theix
Directrice de recherche CNRS, Université de Montpellier
Directrice de recherche INRAE, Université de Montpellier
Professeure, La Rochelle Université
Cadre de recherche IFREMER, IFREMER La Tremblade
Directrice de recherche CNRS, Université de Bretagne Occidentale
Cadre de recherche IFREMER, IFREMER Nantes
Cadre de recherche IFREMER, HDR, IFREMER Montpellier**

Résumé :

L'huître creuse *Crassostrea gigas* est l'espèce de bivalve la plus cultivée dans le monde et est confrontée à des maladies infectieuses impliquant des bactéries du genre *Vibrio*. Parmi ces *Vibrio*, l'espèce *V. aestuarianus* est associée à des mortalités d'huîtres creuses adultes en Europe depuis 2001. En 2012, des mortalités de coques adultes *Cerastoderma edule* associées à cette espèce ont également été rapportées. Au cours de cette thèse, nous avons cherché à préciser (1) la structure des populations de *V. aestuarianus* et leurs déterminants génomiques ; (2) les événements évolutifs ayant participé à l'émergence et l'évolution des sous-espèces, et (3) les habitats, cycles et espèces sensibles à *V. aestuarianus*. Nous avons montré que les souches de *V. aestuarianus* pathogènes se répartissent dans deux sous-espèces aux histoires évolutives différentes. D'une part, *V. aestuarianus francensis* regroupe les souches pathogènes d'huîtres. Elles appartiennent à deux lignées distinctes qui se sont propagées à l'échelle de l'Europe depuis au moins 20 ans. Cette sous-espèce se caractérise par une faible diversité génétique et un mode de vie de spécialiste, avec un habitat restreint aux huîtres. L'un des événements ayant favorisé son émergence pourrait être l'acquisition et l'intégration génomique d'un élément génétique mobile contenant des gènes codant des protéines impliquées dans l'export du cuivre. D'autre part, *V. aestuarianus cardii* regroupe les souches pathogènes de coques. La diversité phénotypique et génétique dans cette sous-espèce est plus importante que dans la sous-espèce *V. aestuarianus francensis*. Plusieurs groupes génétiques présentant des niveaux de virulence différents envers les coques ont pu être identifiées et la comparaison des génomes entre ces groupes a permis d'identifier des facteurs de virulence potentiels.