



## STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE Rentrée 2018

---

### Etude de l'implication relative de la génétique et de l'épigénétique dans l'adaptation rapide, cas de la mémoire immunitaire chez l'huître *Crassostrea gigas*

#### Laboratoire des Interaction-Hôte-Pathogènes-Environnement, UMR5244, Perpignan

Encadrants : Céline Cosseau (celine.cosseau@univ-perp.fr), Simon Boitard (simon.boitard@inra.fr)

L'huître creuse d'intérêt aquacole *Crassostrea gigas* subit depuis 2008 des épisodes de mortalités massives menaçant la filière ostréicole en région Languedoc Roussillon. Les huîtres cultivées dans les lagunes Méditerranéennes sont sévèrement touchées, avec des mortalités pouvant atteindre 85% chez les naissains (huîtres juvéniles).

Aujourd'hui, de plus en plus d'études montrent que l'histoire de vie d'un individu influence non seulement son phénotype mais également celui de sa descendance. Les composantes génétique et épigénétique, et leurs interactions, sont importantes pour générer les phénotypes héréditaires. L'héritabilité de ces phénotypes peut permettre aux parents de transmettre à leur progéniture une meilleure capacité d'adaptation à l'environnement local. Plusieurs études sur des espèces aquatiques montrent que ces effets transgénérationnels pourraient permettre aux espèces de s'adapter à une échelle de temps courte au changement global impactant actuellement le fonctionnement des écosystèmes. A ce titre, nous avons stimulé des huîtres lors de leur développement larvaire (juste après la fécondation) avec des microorganismes (microflore importée depuis l'environnement naturel de l'huître). L'objectif de cette étude est de stimuler les systèmes de défense de l'huître pour leur permettre de mieux résister à la maladie à long terme. Ces expériences ont montré que les huîtres stimulées étaient capables de mieux résister à la maladie rencontrée ultérieurement au stade juvénile. Cette amélioration des capacités de survie des huîtres est observée sur la génération stressée mais également sur la génération suivante. Cet effet transgénérationnel suggère que les huîtres transmettent à leur progéniture une capacité à mieux résister à l'environnement local stressant et notamment aux microorganismes responsables de la maladie. L'objectif du stage de master 2 est de mieux appréhender les mécanismes moléculaires à la base de ce shaping transgénérationnel du système immunitaire de l'huître et de mesurer quel est la contribution relative de la génétique et de l'épigénétique pour générer ce phénotype. Des données de génétique (séquence d'ADN) et épigénétique (méthylation de l'ADN) issues de pools d'individus seront disponibles, pour des populations stressées et témoins observées à différentes générations successives. Le stage aura essentiellement pour objectif d'analyser des séquences génétiques issues de pool d'huîtres par une approche pool-seq pour éventuellement détecter des traces de sélection génétique. Brièvement, la méthodologie mise en jeu consistera à estimer les fréquences alléliques dans les différents pools d'individus (méthode pool HMM), puis à détecter sur la base de ces fréquences les locus ayant évolué sous sélection adaptative (méthode FLK et score local).

Ce sujet entre dans le cadre de l'ANR DECIPHER (Deciphering multifactorial diseases: insight into oyster mortalities) et du projet TRANSGIGAS (Acquisition de résistances TRANS générationnelles chez l'huître creuse *Crassostrea GIGAS* : implication de la composante épigénétique, financement de la région Languedoc Roussillon). Les expériences proposées pour ce projet, ainsi que la gratification de stage seront soutenues par ces financements. Ce stage aura lieu au laboratoire IHPE à l'université de Perpignan en collaboration avec l'unité GenPhySE de l'INRA de Toulouse sous l'expertise de Mr Simon Boitard, spécialiste de l'analyse des données de pool-seq et des scans de sélection. Il nécessitera de brefs séjours à Toulouse pour la formation de l'étudiant sur la méthodologie. L'étudiant bénéficiera du cluster de calcul de la plateforme genotoul pour analyser ces données. L'étudiant-e recruté-e devra posséder des bases solides en génétique et être à l'aise avec l'utilisation de lignes de commande sous linux. Ce travail sera réalisé pour compléter un projet de thèse, actuellement en cours, où la partie épigénétique est abordée. L'encadrement sera réalisé par plusieurs personnes maîtrisant le modèle biologique, les concepts de la génétique et de l'épigénétique et possédant l'expertise en bioinformatique (Simon Boitard (GenPhySE), Christoph Grunau (IHPE), Cristian Chaparro (IHPE), Céline Cosseau (IHPE)).