

 	Diplôme : Ingénieur agronome Spécialité : Ingénieur agronome Spécialisation / option : Sciences halieutiques et aquacoles (aquaculture) Enseignant référent : Mr Sadoul
Auteur(s) : THOMAS Valentin Date de naissance* : 30/12/1997	Organisme d'accueil : INRAE Adresse : Domaine de Vilvert
Nb pages : 33                      Annexe(s) : 4	78350 JOUY-EN-JOSAS
Année de soutenance : 2021	Maître de stage : Mme Lallias
Titre français : Recherche de variants génétiques et analyses transcriptomiques chez la truite arc-en-ciel : Application à la Septicémie Hémorragique Virale	
Titre anglais : Research of genetic variants and Transcriptomic Analysis in Rainbow Trout: Application to Viral Hemorrhagic Septicemia	
<p>La septicémie hémorragique virale (SHV) est une maladie à déclaration en France. Elle touche un grand nombre de poissons téléostéens et notamment la truite arc-en-ciel (<i>Oncorhynchus mykiss</i>). C'est l'espèce la plus élevée en France (96% de la production de salmonidés d'eau douce en 2020). La recherche sur la résistance à la SHV chez les truites arc-en-ciel présente donc un intérêt majeur pour les éleveurs français. A l'INRAE, des lignées isogéniques de truites arc-en-ciel ont été créées et maintenues. Ces lignées isogéniques ont montrés des phénotypes contrastés de résistance à la SHV. La recherche de variants génétiques a pour objectif de caractériser les polymorphismes responsables du phénotype résistant. En ciblant la zone du QTL majeur de la SHV et en filtrant les SNP avec génotypes contrastés entre les lignées sensibles et résistantes, les polymorphismes potentiellement responsables de la résistance à la SHV ont été identifiés. Pour compléter les résultats de la recherche de variants une analyse transcriptomique, de deux lignées isogéniques (une résistante et une sensible) après infection au VSHV, a été réalisée. Cette analyse transcriptomique a permis de compléter les analyses transcriptomiques précédentes réalisées sur des cellules issues de lignées isogéniques après une inoculation de virus inactivé. Ces deux analyses ont permis de détecter des SNP, aux génotypes contrastés entre lignées résistantes et sensibles, et des protéines (CRFB2, Mx, PARP15) impliquées dans des mécanismes de l'immunité innée et liées à la résistance à la SHV.</p>	
<p>Viral hemorrhagic septicemia (VHS) is a reportable disease in France. It affects a large number of teleost fish and in particular the rainbow trout (<i>Oncorhynchus mykiss</i>). This is the most important species in France for aquaculture (96% of the freshwater salmonid production in 2020). Research on VHS resistance in rainbow trout is therefore of major interest to French farmers. At INRAE, isogenic lines of rainbow trout have been created and maintained. These isogenic lines have shown contrasted phenotypes of resistance to VHS. The objective of the research of genetic variants is to characterize the polymorphisms responsible for the resistant phenotype. By targeting the major VHS QTL area and filtering SNP with contrasted genotypes between susceptible and resistant lines, polymorphisms potentially responsible for VHS resistance were identified. To complete the results of the research of variants, a transcriptomic analysis of two isogenic lines (one resistant and one susceptible) after infection with VSHV was performed. This transcriptomic analysis complemented previous transcriptomic analyses performed on cells from isogenic lines after inoculation with inactivated virus. These two analyses allowed the detection of SNPs, with contrasted genotypes between resistant and susceptible lines, and of proteins (CRFB2, Mx, PARP15) involved in innate immunity mechanisms and linked to resistance to VHS.</p>	

Mots-clés : Truite arc-en-ciel, Septicémie hémorragique virale, variant génétique, analyse transcriptomique, immunité innée

Key Words: Rainbow trout, viral hemorrhagic septicemia, genetic variant, transcriptomic analysis, innate immunity

*\* Élément qui permet d'enregistrer les notices auteurs dans le catalogue des bibliothèques universitaires*