

Spécificité de la réponse antimicrobienne chez *Crassostrea gigas* : mécanismes moléculaires de reconnaissance et de signalisation

T. Green¹, J. de Lorgeril¹, C. Montagnani¹

¹ Ifremer – UMR 5119 Ecosym, unité BOME, Université Montpellier 2, 34095 Montpellier

Ces travaux s'inscrivent dans le cadre des épisodes de mortalités massives menaçant l'économie de la filière ostréicole française depuis 2008. Ces émergences régulières de pathogènes opportunistes - associées au fait que ces organismes soient exposés de façon continue à une riche flore microbienne- soulèvent la question de l'activation et de la spécificité de la réponse immunitaire de l'huître. Il s'agit ici de comprendre la part jouée par les différents pathogènes viraux ou bactériens (*Vibrio splendidus*, *V. aesturiamus* et OsHV-1 μ var) dans l'induction de l'immunité innée aboutissant à une réponse efficace ou non lors des épisodes infectieux.

Dans ce but, nous avons dans un premier temps exploré les mécanismes moléculaires impliqués dans la réponse antivirale encore méconnue chez les mollusques. Des études *in vivo* ont été réalisées afin de mettre en évidence l'existence d'une réponse antivirale inductible chez l'huître. Lors de deux expériences indépendantes, un homologue synthétique d'ARN double brin (poly I:C) a été injecté 24h avant l'injection d'une suspension virale enrichie en virus OsHV-1 μ var. Nous avons pu montrer que ce motif moléculaire associé aux infections virales induisait un état antiviral protégeant les huîtres contre l'infection (diminution significative de la charge virale de 89%). Cette stimulation (« priming ») de l'immunité est indépendante de la séquence ARN injectée mais spécifique de la réponse antivirale, un priming par des vibrios tués n'induisant aucun effet protecteur sur l'infection à OsHV-1. L'analyse de l'expression de gènes candidats connus pour leur implication dans la réponse antivirale (Toll-like Receptor, éléments de voies de signalisation NF- κ B et IRF, molécule antivirale PKR) a par ailleurs montré que la réponse initiée comportait des similitudes frappantes avec la voie des interférons (IFN), caractéristique de la réponse antivirale chez les vertébrés.

Ces premiers résultats ont été complétés par l'identification *in silico* au sein du génome de *C. gigas* des voies antivirales connues chez les vertébrés et invertébrés (autophagie, apoptose, RLR, STAT, RNAi, ...). Les stratégies de reconnaissance aux différents pathogènes seront explorées plus avant par l'analyse transcriptomique haut débit de gènes sélectionnés *in silico* pour leur implication dans la reconnaissance et dans des voies de signalisation de l'immunité innée, sur des animaux stimulés par ces trois pathogènes. Les résultats apportés nous permettront d'approfondir nos connaissances sur les mécanismes moléculaires mis en place lors des interactions entre l'huître et sa microflore pour mieux cerner l'origine des mortalités estivales actuelles.