

# Sujet de stage Master M2 - Année 2018

Laboratoire "Ecologie et Biologie des Interactions"

Equipe "Ecologie Evolution Symbiose"



## Titre du stage :

[FR] Réponse immunitaire chez l'écrevisse, *Astacus astacus* à une infection par la peste à partir d'une approche transcriptomique (RNA-seq).

[EN] Immune response in the noble crayfish, *Astacus astacus* to crayfish plague infection by transcriptomic approach.

## Encadrant(s) :

1-Frederic Grandjean (60%) [frederic.grandjean@univ-poitiers.fr](mailto:frederic.grandjean@univ-poitiers.fr); 05 49 45 42 76

2-Bouziane Moumen (20%) [bouziane.moumen@univ-poitiers.fr](mailto:bouziane.moumen@univ-poitiers.fr);

3-Christine Braquart-Varnier (20%) [christine.braquart@univ-poitiers.fr](mailto:christine.braquart@univ-poitiers.fr)

## Mots clés :

Extraction d'ADN, expression génique, ARN extraction, Bioinformatics, RNA-seq

## Résumé :

### Contexte scientifique :

L'aphanomyose ou peste de l'écrevisse est en partie responsable de la disparition des peuplements d'écrevisses autochtones. Cette pathologie dont l'agent est un oomycète est véhiculée par les écrevisses d'origine américaine qui sont à présent largement répandues en Europe. Cette maladie entraîne généralement la mort de l'écrevisse en quelques jours après l'infection. Récemment, des infections chroniques dans des populations d'écrevisses autochtones ont été caractérisées qui résultent soit d'une baisse de virulence de la souche d'A. astaci soit d'une adaptation locale de la population d'écrevisses. Des études sur la réponse immunitaire des écrevisses autochtones ont été récemment initiées. Il a été montré après infection en conditions contrôlées que la vitesse de la réponse immunitaire étaient corrélés à la virulence des souches. Certains paramètres immunitaires dont les taux d'hémocytes chutent d'autant plus rapidement que la souche est virulente. Le suivi du taux de prophénoloxydase au cours de l'infection montrent une augmentation d'autant plus rapide que la souche utilisée est virulente. L'objet de ce travail sera d'identifier et de quantifier les niveaux d'expression des gènes impliqués dans cette réponse à partir de données transcriptomiques générées à partir d'une cinétique d'infection. Mots clé : Aphanomyces, réponse immunitaire, transcriptome, PCR Quantitative, écrevisses

### Hypothèses testées dans le projet :

- 1- identifier et de quantifier les niveaux d'expression des gènes impliqués dans cette réponse à partir de données transcriptomiques générées lors d'une cinétique d'infection.

## Techniques, méthodologies mises en œuvre :

- Infection en condition contrôlée
- Extraction d'ARN, PCR quantitative, cytométrie en flux, microscopie électronique.
- Bioinformatic data analysis

## Références bibliographiques :

1) Becking et al 2015

## Compétences particulières souhaitées :

Un(e) étudiant(e) motivé