

Discipline : Aspects Moléculaires et Cellulaires de la Biologie / Biologie Marine

Sujet : Mécanismes épitranscriptomiques chez l'huître *Magallana gigas* : rôles dans la structure de l'hologénome et la plasticité phénotypique

Acronyme : MAGNET

Mots clés : Epitranscriptome, Hologénome, Huître, Environnement, Champs électromagnétiques

Direction de thèse : RIVIERE Guillaume

Unité de recherche : UR7482 MERSEA "Marine ecosystems and organisms research laboratory"

Etablissement : Université de Caen Normandie

Type de financement : Normandie Recherche 50% (sous condition suspensive d'obtention du financement)

Contact : [guillaume.riviere@unicaen.fr](mailto:guillaume.riviere@unicaen.fr)

L'huître creuse *Magallana (Crassostrea) gigas* est un modèle lophotrochozoaire et une ressource conchylicole majeure. Elle interagit en permanence avec des communautés microbiennes (microalgues, bactéries, virus...), qui définissent son holobionte et jouent un rôle clé dans sa physiologie. L'huître est fortement sujette à des pressions environnementales liées au changement global et à l'anthropisation, comme les champs électromagnétiques des parcs éoliens offshore (CEMs), qui affectent son habitat et les communautés qu'il héberge. La régulation épitranscriptomique (m6A-ARN) est un acteur majeur de l'expression des gènes en réponse au stress chez les Vertébrés et les Insectes, et dans le développement et la transmission intergénérationnelle de traits de vie chez l'huître. Cependant, l'impact des changements environnementaux, notamment des CEM, sur l'holobionte de l'huître et l'implication des mécanismes épitranscriptomiques dans ce contexte restent méconnus. Nous émettons l'hypothèse que la régulation épitranscriptomique joue un rôle clé dans les interactions au sein de l'holobionte de l'huître et conditionne son adaptation et sa résilience aux changements environnementaux. Le projet MAGNET propose d'explorer cette question par une approche hologénomique innovante incluant le séquençage direct (SMaRTseq Nanopore) *in vivo* sur le terrain et l'utilisation d'outils fonctionnels (challenges, inhibiteurs, CRISPR) en laboratoire pour répondre aux questions suivantes : 1) Quelle est l'influence de stress environnementaux (CEM et modifications de l'habitat) sur l'holobionte et les épitranscriptomes associés ? 2) Quels sont les mécanismes moléculaires de la régulation épitranscriptomique au sein de l'hologénome (expression des gènes, architecture du génome...) ? Ces connaissances permettront de mieux comprendre l'adaptation de l'huître à l'échelle de l'individu mais également des communautés, des enjeux fondamentaux dans le contexte d'une pression environnementale croissante.

The Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) is a model lophotrochozoan species and a major shellfish resource. It constantly interacts with microbial communities (microalgae, bacteria, viruses, etc.), which define its holobiont and play a key role in its physiology. Oysters are highly susceptible to environmental pressures linked to global change and anthropization, such as the electro-magnetic fields induced by offshore wind farms (EMFs), which affect their habitat and the communities it hosts. Epitranscriptomic regulation (m6A-RNA) is a major pathway of gene expression in response to stress in vertebrates and insects, and in the development and intergenerational transmission of environmental traits in oysters. However, the impact of environmental changes, particularly EMFs, on the oyster holobiont and the involvement of epitranscriptomic mechanisms in this context remain poorly understood. We hypothesize that epitranscriptomic regulation plays a key role in interactions within the oyster holobiont and determines its adaptation and resilience to environmental changes. The MAGNET project proposes to explore this question using an innovative hologenomic approach that includes direct sequencing (SMaRTseq Nanopore) *in vivo* in the field and the use of functional tools (inhibitors, CRISPR) in the laboratory to answer the following questions: 1) What is the influence of environmental stressors (EMFs and habitat changes) on the structure of the oyster holobiont and associated epitranscriptomes? 2) What are the

molecular mechanisms underlying the epitranscriptomic regulation of interactions within the hologenome (gene expression regulation, genome architecture, etc.)? This knowledge will provide a better understanding of how oysters adapt at the individual level, but also at the population and community levels, which are fundamental issues in the context of increasing environmental pressure.