

Avis de Soutenance

Madame Marie VERNERET

Aspects moléculaires

Soutiendra publiquement ses travaux de thèse intitulés

Evolution et diversité des rétrovirus endogènes dans les génomes de petits ruminants

dirigés par Monsieur Jocelyn TURPIN et Madame Emmanuelle LERAT

Soutenance prévue le **jeudi 27 novembre 2025** à 14h00

Lieu : Université Lyon 1 Amphithéâtre G1 50 Avenue Tony Garnier 69007 Lyon

Salle :

Composition du jury proposé

M. Jocelyn TURPIN	INRAE Lyon	Directeur de thèse
Mme Emmanuelle LERAT	CNRS Lyon	Co-directrice de thèse
Mme Caroline LEROUX	INRAE Lyon	Co-encadrante de thèse
Mme Carole CHARLIER	Université de Liège Belgique	Rapporteuse
Mme Anna-Sophie FISTON-LAVIER	Université de Montpellier	Rapporteuse
M. Clément GILBERT	CNRS Gif sur Yvette	Examineur
M. Sébastien DEVILLARD	Université Lyon 1	Examineur
M. Julien THEZE	INRAE Saint-Genès-Champanelle	Examineur

Mots-clés : Rétrovirus endogène, Rétrotransposon LTR, Evolution, Génomique, Annotation, Petits ruminants,

Résumé :

Les rétrovirus endogènes (ERVs) sont issus de l'intégration ancienne de rétrovirus dans les cellules germinales des hôtes, conduisant à leur transmission verticale au fil des générations. Ces éléments peuvent se multiplier et former des familles de séquences répétées qui occupent une part significative des génomes et participent activement à leur structuration et à leur évolution. Alors que dans la plupart des espèces les rétrovirus exogènes à l'origine des ERVs ont disparu, chez les petits ruminants une famille d'ERVs coexiste encore avec ses homologues exogènes. Cette particularité en fait un modèle unique pour explorer les dynamiques d'endogénéisation, les processus de duplication, et la coévolution hôte-virus. La première partie de cette thèse a permis de dresser un inventaire exhaustif des ERVs dans les génomes de référence de chèvre et de mouton, révélant plusieurs vagues d'endogénéisation au cours des 40 derniers millions d'années. Deux familles se distinguent par leur abondance dans le génome caprin. L'une d'elle présente des éléments intacts proches de rétrovirus exogènes encore en circulation, suggérant des duplications récentes ou une endogénéisation toujours en cours tandis que l'autre est composée d'éléments incomplets, impliquant la présence de plusieurs mécanismes de duplication différents. La deuxième partie a porté sur l'analyse du polymorphisme d'insertion des ERVs dans plus de 1000 génomes de petits

ruminants. Les résultats montrent une forte variabilité avec des profils d'insertion spécifiques selon l'espèce, la race ou la localisation géographique. Ces données confirment l'activité récente de certaines familles d'ERVs. Enfin, la troisième partie s'est intéressée à la coexistence entre formes endogènes et exogènes. La comparaison des rétrovirus endogènes et exogènes a permis de mieux comprendre leur dynamiques d'insertion et d'identifier des régions discriminantes entre les séquences endogènes et exogènes particulièrement proches, primordiales pour le diagnostic des infections. Cette thèse fournit ainsi des éléments permettant de reconstituer l'histoire évolutive passée et actuelle des rétrovirus endogènes chez les petits ruminants. Ce projet apporte des connaissances fondamentales nouvelles sur les dynamiques évolutives des rétrovirus et leurs implications dans la biologie des espèces d'élevage.