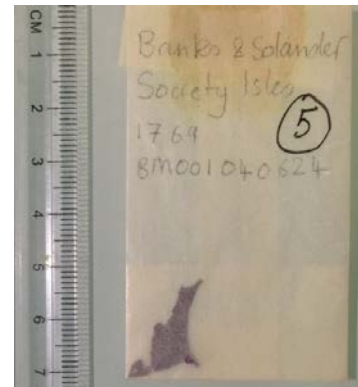
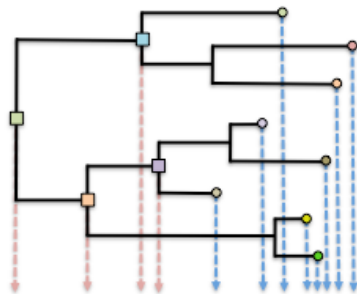


Offre de stage de M2 (2019):
Histoire évolutive des virus phytopathogènes :
Apport de l'ARN ancien issu de spécimens historiques d'herbiers



Mots clefs : ADN-ARN Anciens, herbiers, épidémiologie moléculaire virale, génomique des populations, inférences phylogénétiques, *Geminiviridae*.

Contexte général : Afin de mieux contrôler les maladies actuelles des cultures et prévenir les épidémies futures, il est indispensable de mieux comprendre les facteurs écologiques et les processus évolutifs impliqués dans l'émergence, l'adaptation et la diffusion des agents pathogènes (Jones et al, 2009). De récents développements méthodologiques dans le domaine de l'épidémiologie moléculaire ont permis de reconstruire les dynamiques spatio-temporelles de nombreuses maladies et les routes de dissémination des agents pathogènes en se basant sur l'échantillonnage d'individus contemporains (< 30 ans ; Croucher and Didelot, 2015). C'est ainsi que des études récentes ont pu lever le voile sur l'évolution du virus responsable de la pandémie de grippe espagnole de 1918 (Worobey et al, 2014) et l'épidémie de mildiou responsable de la grande famine irlandaise du 19^{ème} siècle (Martin et al, 2013). Les progrès récents dans les technologies de séquençage à haut débit permettent désormais de reconstituer les génomes viraux historiques datant de plusieurs siècles, afin de mieux élucider leur origine et leur évolution passée (Smith et al., 2014 ; Yochida et al., 2014).

Les géminivirus sont responsables de nombreuses maladies émergentes dans le monde avec un impact économique majeur sur des cultures vivrières très importantes pour la sécurité alimentaire en Afrique subsaharienne comme le manioc et la patate douce. Leur potentiel important d'évolution, avec des taux élevés de mutation et de recombinaison, font de ces virus un modèle idéal pour la compréhension des processus épidémiologiques et évolutifs associés à l'émergence virale.

Objectifs du stage : A l'aide d'une approche métagénomique basée sur le séquençage haut débit des petits ARN interférents (siRNA 21-24 nts ; Smith et al, 2014), nous avons obtenu des banques de données siRNA pour 22 échantillons anciens d'herbiers de patate douce et de manioc collectés entre 1819-1975 (Museum National d'Histoire Naturelle Paris), Natural History Museum (London), Kew gardens et National Herbarium of the Netherlands (Leiden)), représentatifs des infections virales présentes. A partir des spécimens historiques d'herbiers, l'étudiant(e) analysera ces siRNA d'origine virale et les comparera avec des spécimens contemporains dont notamment les 1158 banques siRNA de patate douce du projet Pan-African sweet potato virome (<http://bioinfo.bti.cornell.edu/virome>). Outre l'obtention de séquences géminivirales historiques, l'objectif du stage sera de valider l'authenticité historique des données, d'étudier leurs relations

phylogénétiques avec les séquences contemporaines, de mesurer l'existence de changements évolutifs (tip-date calibration ; Rieux and Balloux, 2016), et si possible de réaliser des analyses phylogéographiques afin de tenter de reconstruire leurs routes de dissémination (BEAST ; Drummond et al., 2012 ; Lefeuvre et al, 2008).

Compétences : Outre des compétences de base dans le domaine de la biologie et de l'évolution des organismes vivants, le sujet de recherche nécessite un goût certain pour les analyses en bio-informatique de données de séquençage à haut débit (NGS) et en phylogénie.

Organisme d'accueil : CIRAD – UMR PVBMT à St Pierre de la Réunion - Site web : <https://umr-pvbmt.cirad.fr/>

Rétribution financière : – Environ 512 euros/mois. Nous prenons également à notre charge la totalité des frais de voyage et une partie des frais de logement.

Laboratoires partenaires au projet : CIRAD (UMR PVBMT), Museum National d'Histoire Naturelle de Paris (MNHN, Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité)

Equipe encadrante : Nathalie Becker (MNHN - PVBMT, physiologiste moléculaire), Pierre Lefeuvre (CIRAD, bioanalyste en phylogéographie et évolution virale), Adrien Rieux (CIRAD, évolutionniste moléculaire des agents pathogènes), Jean-Michel Lett (CIRAD, épidémiologiste moléculaire des virus)

Responsables du stage : Adrien Rieux (adrien.rieux@cirad.fr) et Jean-Michel Lett (lett@cirad.fr)

Candidature : Envoyer CV + lettre de motivation aux adresses mail ci-dessus

Perspective de thèse : Possible

Références bibliographiques citées:

Croucher NJ, Didelot X. **The application of genomics to tracing bacterial pathogen transmission.** *Current Opinion in Microbiology.* 2015;23:62-7.

Drummond AJ, Suchard MA, Xie D, Rambaut A (2012) **Bayesian Phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7.** *Mol Biol Evol* 29:1969-1973

Jones RAC (2009) **Plant virus emergence and evolution: Origins, new encounter scenarios, factors driving emergence, effects of changing world conditions, and prospects for control.** *Virus Research* 141:113-130

Lefeuvre P, Martin DP, Harkins G, Lemey P, Gray AJa, Meredith S, Lakay F, Monjane A, Lett J-M, Varsani A, Heydarnejad J (2010) **The Spread of Tomato Yellow Leaf Curl Virus from the Middle East to the World.** *PLoS Pathogens* 6:e1001164-e1001164

Martin MD, Cappellini E, Samaniego JA, Zepeda ML, Campos PF, Seguin-Orlando A, et al. **Reconstructing genome evolution in historic samples of the Irish potato famine pathogen.** *Nature Communications.* 2013;4.

Rieux A, Balloux F. **Inferences from tip-calibrated phylogenies: a review and a practical guide.** *Molecular Ecology.* 2016.

Yoshida K, Burbano HA, Krause J, Thines M, Weigel D, Kamoun S. **Mining Herbaria for Plant Pathogen Genomes: Back to the Future.** *Plos Pathogens.* 2014;10(4).

