



Centre
Collaborateur
OMS

UMR 5244 Interactions Hôtes-Pathogènes-Environnements (IHPE) – Université de Perpignan

PROPOSITION DE SUJET DE MASTER 2

TITRE : Développement de marqueurs nucléotidiques polymorphes (SNPs) et étude de l'histoire évolutive des parasites hybrides entre *Schistosoma haematobium* et *S. bovis*

ENCADRANTS PRINCIPAUX : Eglantine Mathieu Begné ; Olivier Rey et Eve Toulza

La schistosomiase aussi appelée bilharziose est une parasitose chronique provoquée par des vers (trématodes) du genre *Schistosoma*. Cette maladie se décline en deux formes principales (intestinale et urogénitale) et affecte près de 300 millions de personnes ainsi que certains animaux d'élevage (ovins, bovins) dans les régions tropicales et subtropicales(1). De nombreuses études de terrain et expérimentales ont permis de démontrer que plusieurs espèces de schistosomes, infectant parfois des hôtes définitifs différents et parfois phylogénétiquement éloignés, peuvent se reproduire entre elles et générer des hybrides fertiles. Toutefois l'histoire évolutive de ces hybrides en milieu naturel est encore mal connue. Plus particulièrement, aucune étude n'a permis de définir si les hybrides jusqu'alors identifiés (sur la base de critères morphologiques et sur la base de marqueurs moléculaires peu résolutoires) sont issus d'un ou de plusieurs événements d'hybridation récents ou si ces hybrides résultent d'événements de croisements interspécifiques ancestraux. Ces informations sont toutefois cruciales pour mieux comprendre la dynamique évolutive des différentes espèces de schistosomes et pour quantifier l'intensité des barrières reproductrices entre ces espèces.

Le sujet que nous proposons vise à éclairer l'histoire évolutive des hybrides *S. haematobium* x *S. bovis* à l'aide d'une approche génomique basée sur un échantillonnage de populations naturelles d'hybrides résultant possiblement de croisements entre *S. haematobium* et *S. bovis*. Alors que *S. haematobium* est spécifique de l'Homme, *S. bovis* est inféodé aux ruminants. Cependant plusieurs hybrides ont été identifiés en abondances variables dans de nombreux pays d'Afrique chez l'Homme et plus rarement chez les ruminants. D'autre part, des hybrides ont également été identifiés en Corse et sont responsables de l'émergence de la bilharziose localement. Le stage sera basé sur la production et le traitement de données issues de séquençage haut débit (Illumina) afin d'identifier des marqueurs nucléotidiques polymorphes (SNPs) sur lesquels des analyses génomiques comparatives seront effectuées entre des parasites *S. haematobium* et des hybrides sympatriques. A partir d'échantillons populationnels prélevés dans des localités au Sénégal et au Nigeria, un premier jeu de données permettra de vérifier si, à l'échelle du génome, les parasites jusqu'à présent identifiés comme des hybrides constituent une ou plusieurs entités génétiques, et de quantifier la différenciation génétique entre ces hybrides et *S. haematobium*. Cette étude permettra également de caractériser les régions génomiques partagées entre les hybrides et *S. haematobium*. D'autre part, l'étudiant pourra potentiellement également participer à l'analyse de données génomiques de type « long-reads » pour caractériser la taille des fragments introgressés de *S. bovis* dans le génome de la lignée hybride identifiée en Corse.

L'étudiant.e sera co-encadré(e) par Eglantine Mathieu-Begné (Post-doc), Eve Toulza (MCF) et Olivier Rey (MCF). D'autre part il/elle pourra bénéficier des compétences de l'ensemble des membres du laboratoire IHPE ainsi que des services des plateformes de séquençage et de bioinformatique également hébergés au sein du laboratoire.

Nous cherchons un.e candidat.e ayant un fort intérêt et des compétences (même basiques) en bioinformatique pour traiter de questions éco-évolutives. Un intérêt pour les interactions biotiques et plus particulièrement pour les systèmes hôtes-pathogènes sera un plus.