

**Titre** : Transfert horizontal d'ADN : quelle implication des virus domestiqués ?

**Encadrement** : Sylvain Charlat (chercheur CNRS) et Samuel Barreto (chercheur post-doctoral) (LBBE, département Coévolution multi-échelles, équipe Génétique Évolutive des Interactions)

**Sujet du stage** : Il ne fait plus aucun doute que des éléments génétiques peuvent se déplacer entre différentes branches de l'arbre du vivant, parfois très éloignées ; non seulement chez les bactéries et les archées, où l'importance de ce phénomène est reconnu de longue date, mais également chez des eucaryotes multicellulaires tels que les plantes ou les animaux (Keeling & Palmer, 2008; Sibbald et al., 2020). Il s'agit à présent de préciser l'ampleur de ce phénomène, la nature des éléments transférés horizontalement, et les mécanismes moléculaires et écologiques impliqués. Les éléments transposables sont fréquemment transmis horizontalement (Reiss *et al.*, 2019), mais des gènes considérés comme non mobiles pourraient aussi le devenir, notamment en étant vectorisés par des virus (Gasmi *et al.*, 2015). C'est l'hypothèse centrale explorée dans le cadre de ce stage.

Nous avons à notre disposition les génomes complets de plusieurs centaines d'espèces de papillons et de leurs parasitoïdes (des parasites « prédateurs », c'est à dire consommant intégralement leurs victimes). Des cas de transferts horizontaux entre hôtes et parasitoïdes ont déjà été démontrés, et nous cherchons, en identifiant des régions génomiques anormalement similaires, à quantifier l'importance de ce phénomène et les mécanismes impliqués. Les parasitoïdes hyménoptères sont souvent associés à des virus domestiqués, dont l'enveloppe est utilisée par la guêpe pour transmettre à l'hôte des facteurs inhibiteurs de l'immunité, parfois sous formes d'ADN. Les éléments génétiques ainsi introduits peuvent s'intégrer au génome du papillon, et donner lieu à un événement de transfert horizontal si l'hôte parvient à résister à cette attaque tout en conservant les gènes nouvellement acquis. De tels événements laissent des signatures moléculaires identifiables, sous la forme de séquences particulières aux extrémités des régions transférées. L'objet du stage sera de chercher ces signatures, par des approches bioinformatiques. Il s'agira donc d'identifier, parmi les éléments génétiques transférés horizontalement, ceux ayant été médiés par des virus domestiqués, et par la suite de déterminer le type de gènes concernés, et leurs éventuelles nouvelles fonctions.

**Outils et méthodes** : Le ou la candidate traitera des données massives de séquençage de génomes complets; il ou elle devra pour cela mobiliser des outils d'analyse de séquence à très haut débit. Ceci implique la recherche de séquences homologues par des approches récentes (mmseqs2, hmmer), le clustering en familles de gènes ou autres éléments génétiques, l'analyse du degré de conservation des séquences — tout ceci « en grandes dimensions ». Le ou la candidate aura, à l'issue du stage, acquis une solide maîtrise d'outils et de concepts essentiels à l'analyse de données bioinformatiques récentes.

**Compétences requises** : nous recherchons un·e candidat·e intéressé·e par la biologie évolutive, notamment ses aspects conceptuels, et montrant un goût et des compétences pour les outils d'analyse bioinformatiques.

**Financement** : ce stage est financé dans le cadre de l'ANR Horizon

**Cadre de travail** : le candidat bénéficiera de l'offre d'animation riche du LBBE, ainsi que de l'animation interne du département et de l'équipe d'accueil.

## Références:

- Gasmi, L., Boulain, H., Gauthier, J., Hua-Van, A., Musset, K., Jakubowska, A.K., *et al.* 2015. Recurrent domestication by Lepidoptera of genes from their parasites mediated by bracoviruses. *PLoS Genet.* **11**: 1–32.
- Keeling, P.J. & Palmer, J.D. 2008. Horizontal gene transfer in eukaryotic evolution. *Nat. Rev. Genet.* **9**: 605–618.
- Reiss, D., Mialdea, G., Miele, V., de Vienne, D.M., Peccoud, J., Gilbert, C., Gilbert, C., Duret, L., Charlat. S. 2019. Global survey of mobile DNA horizontal transfer in arthropods reveals Lepidoptera as a prime hotspot. *PLoS Genet.* **15**: 1–17.
- Sibbald, S.J., Eme, L., Archibald, J.M. and Roger. A.J., 2020“Lateral Gene Transfer Mechanisms and Pan-Genomes in Eukaryotes.” *Trends in Parasitology*, August 19, 2020.