

FORMULAIRE DE PROPOSITION DE STAGE
Phylogéographie de virus de moustiques avec un large spectre d'hôte et géographique

Encadrant(s) : Côme Morel, Serafin Gutierrez

Laboratoire : UMR ASTRE, Campus international de Baillarguet

Adresse mail : come.morel@cirad.fr, serafin.gutierrez@cirad.fr

Problématique générale :

Certaines espèces de moustiques transmettent des agents pathogènes, notamment des virus, qui représentent l'un des principaux problèmes de santé publique dans le monde. Le changement climatique actuel, accompagné des activités humaines (échanges globaux de personnes et des biens, urbanisation etc...), pourraient encore accroître ce problème en raison notamment de l'expansion de la répartition géographique des moustiques vecteurs.

L'étude de la communauté virale, ou virome, qui infecte les moustiques est un domaine de recherche récent. Le virome de moustiques reçoit de plus en plus d'attention car son étude pourrait conduire au développement de nouveaux outils de contrôle des agents pathogènes transmis par ces insectes. Ces nouvelles méthodes semblent d'un intérêt premier dans un monde où la lutte contre les moustiques reste particulièrement complexe (e.g. résistance aux insecticides).

Sujet et objectifs du stage :

Les progrès récents de la métagénomique ont révélé que les moustiques abritent un virome important et diversifié [1]. Contrairement aux virus humains transmis par ces derniers, connus sous le nom d'arbovirus, la plupart des virus des moustiques ne semblent pas infecter les vertébrés. Nous savons encore peu de choses sur leur écologie et il est souvent admis qu'ils sont des commensaux de moustiques. Certains d'entre eux sont très proches taxonomiquement d'arbovirus et quelques études semblent d'ailleurs montrer que certains de ces arbovirus dérivent de virus spécifiques de moustiques [2]. Il va alors être important d'étudier plus en profondeur leur rôle potentiel dans la transmission de certains arbovirus.

Notre équipe étudie l'écologie du virome des moustiques. Nous avons mis en avant récemment qu'une part non négligeable du virome semble être partagée entre des espèces de moustiques taxonomiquement éloignées. De plus, les résultats ont montré que ceux-ci possèdent pour la plupart des distributions géographiques très larges, comprenant plusieurs pays et continents, des fois séparés par de très longues distances (e.g. océans, chaînes de montagnes, etc...). Toutes ces observations soulèvent donc la question de comment ces virus ont pu être dispersés quasi-globalement. Le fait de retrouver des virus avec un spectre d'hôte et géographique large (cf. généralistes) est quelque chose qui a semblé t-il être peu observé auparavant dans les viromes eucaryotes. Cela nous amène alors à imaginer plusieurs scénarios quant à leur origine et leur évolution.

L'objectif de ce stage est de mieux comprendre l'histoire évolutive des virus généralistes à large distribution géographique et d'explorer les possibles scénarios de migration des virus. Pour y arriver, l'étudiant utilisera des méthodes phylogénétiques et/ou phylogéographiques. Les phylogénies permettront de définir si les souches d'un même virus sont groupées par région géographique, par espèce de moustique ou de façon aléatoire. Nous cherchons un étudiant intéressé par l'évolution virale et l'utilisation des

outils bio-informatiques (reconstruction phylogénétique, manipulation des séquences issues de séquençage profond ou NGS).

Rapide description des méthodes utilisées :

L'étudiant récupérera les séquences de virus ciblés sur les bases de données ainsi que depuis nos anciennes études et reconstruira leurs phylogénies. Des logiciels de reconstruction phylogénétiques seront alors amenés à être utilisés. Des analyses de Mapping et SnpCalling pourraient être abordées si l'étudiant a le temps et est motivé. L'étudiant devra donc être capable de maîtriser l'interface Linux/bash ainsi que le logiciel R (RStudio).

Références :

[1] de Almeida, Aguiar, Armache, Olmo & Marques. The virome of vector mosquitoes. *Current Opinion in Virology*, Elsevier, 2021, 49, pp.7-12. [10.1016/j.coviro.2021.04.002](https://doi.org/10.1016/j.coviro.2021.04.002).

[2] Bolling, Weaver, Tesh & Vasilakis, 2015. "Insect-Specific Virus Discovery: Significance for the Arbovirus Community". *Viruses*, 7, 4911-4928.