

From: Marie-Claude Bon mcbon@ars-ebcl.org Date: 2023/09/26 Subject: [bioinfo] Offre de stage M2 Bioinformatique, USDA-ARS-EBCL, Montferrier le Lez

SUJET : Conception et développement de stratégies bioinformatiques pour l'analyse du génome mitochondrial du psylle ravageur de l'olivier, *Euphyllura olivina*, et de ses parasitoïdes majeurs.

CONTEXTE SCIENTIFIQUE Les psylles du genre *Euphyllura* sont des petits insectes de la famille des Liviidae. Ils agissent en piquant et suçant la sève des arbres qui peut considérablement épuiser l'arbre, transmettre des maladies et potentiellement même causer la mort de l'arbre. L'espèce *Euphyllura olivina* est particulièrement préjudiciable à la culture de l'olivier dans tous les pays méditerranéens et en Californie où il a été accidentellement introduit. La lutte durable contre ce ravageur en Californie fait appel à la lutte biologique classique en introduisant en Californie des parasitoïdes spécifiques du psylle et d'origine méditerranéenne. La connaissance de l'histoire évolutive du ravageur et des parasitoïdes qui lui sont associés constitue un prérequis à la sélection des parasitoïdes ayant co-évolué avec l'hôte et par la même un thème de recherche de notre laboratoire. En particulier, pour retracer ces histoires évolutives, nos recherches sont focalisées sur la comparaison du patron phylogéographique mitochondrial du psylle de l'olivier avec ceux de deux parasitoïdes majeurs.

OBJECTIFS ET MISSIONS BIOINFORMATIQUES A ce jour, quasi aucune donnée de séquences mitochondriales n'est disponible pour *Euphyllura olivina* et ses deux parasitoïdes majeurs. Un séquençage massif via un séquenceur MinION d'Oxford Nanopore Technologies est en cours de réalisation au Laboratoire sur des échantillons obtenus à partir d'ADN génomique de plusieurs populations méditerranéennes et californiennes du ravageur et des parasitoïdes majeurs. A partir des données obtenues, les missions de ce stage seront les suivantes : - Assembler les mitogénomes du ravageur et ses parasitoïdes - Comparer les patrons phylogéographiques mitochondriaux.

DEROULEMENT DU STAGE Les différentes phases à entreprendre seront: - Valider le pipeline existant d'annotation et d'assemblage global des séquences mitochondriales ou mettre en place un nouveau pipeline - Assembler et comparer les mitogénomes - Intégrer le pipeline développé sous forme de workflow qui sera applicable à d'autres projets.

FORMATION / COMPÉTENCES - Niveau Master 2 bioinformatique - Bioinformatique: analyse de séquences, bioanalyse, annotations de séquences. La connaissance d'outils bioinformatiques pour le séquençage haut débit est requise. - Informatique : bonne connaissance du langage Perl, XML. Maîtrise de l'environnement Linux. Bon niveau en Anglais.

DURÉE 6 mois

ENCADREMENT Le stage se déroulera au sein du Laboratoire Européen de Lutte Biologique (<https://www.ars.usda.gov/people-locations/people-list-offices/?modeCode=02-12-05-00>), sur le Campus international de Baillarguet, à Montferrier le lez, sous la responsabilité de Marie-Claude Bon, biologiste moléculaire. Le stagiaire travaillera en lien avec un bioinformaticien de l' ARS-USDA, Perot Saelao, basé au Texas.

CONTACT Marie-Claude BON mcbon@ars-ebcl.org ; 04 99 62 30 41

ACCUEIL Indemnités de stage : Gratification selon barème légal en vigueur selon le nombre de jours ouvrés du mois.

CANDIDATURES

Référence de l'offre à rappeler : CV et lettre de motivation sont à envoyer avant décembre 2023

REFERENCE

Hougardy E, Wang X, Hogg BN, Johnson MW, Daane KM, Pickett CH. Current Distribution of the Olive Psyllid, *Euphyllura olivina*, in California and Initial Evaluation of the Mediterranean Parasitoid *Psyllaephagus euphyllurae* as a Biological Control Candidate. *Insects*. 2020 Feb 26;11(3):146. doi: 10.3390/insects11030146.