



STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE

Rentrée 2017

Influence de l'habitat sur la communauté de virus associée à des espèces de moustiques vecteurs de maladies

Unité Mixte de Recherche ASTRE CIRAD-INRA, Campus International de Baillarguet.

Encadrants : Patricia Gil (patricia.gil@cirad.fr), Sérafin Gutierrez (serafin.gutierrez@cirad.fr)

Des épidémies récurrentes nous rappellent continuellement que certains moustiques transmettent des virus pathogènes pour l'humain et le bétail. Cependant, ces virus ne sont pas les seuls à infecter les moustiques. Une large diversité de virus est associée aux moustiques et la plupart de ces espèces virales n'infectent pas les vertébrés. Cette diversité virale est largement méconnue. Pourtant, certains virus pourraient permettre de contrôler les maladies virales transmises par les moustiques. Par exemple, certains virus pourraient être utilisés comme bio-insecticides ou limiter la transmission de virus pathogènes pour les vertébrés.

Dans notre équipe, nous étudions les communautés virales associées à des espèces de moustiques vectrices de maladies virales. Notre but est de comprendre l'écologie de ces communautés et leur influence sur la valeur sélective et la compétence vectorielle des moustiques. Dans le cadre d'un projet international sur le virus de la fièvre de la vallée du Rift, un virus pathogène pour l'homme et le bétail, nous avons collecté trois espèces de moustiques vectrices dans différents habitats au Sénégal. Ensuite, nous avons identifié des virus potentiellement associés aux populations échantillonnées par des approches de métagénomique. **L'objectif du stage est de caractériser les communautés d'espèces virales associées à ces moustiques habitant en sympatrie dans trois écosystèmes différents.**

L'étudiant analysera le jeu de données disponible pour répondre aux questions suivantes : quels virus sont toujours associés à toutes les espèces de moustique ? Quels virus sont spécifiques à une espèce ou à un habitat ? Y-a-t-il une combinaison "espèce de moustique/habitat" qui contient plus de virus potentiellement pathogènes pour les vertébrés ? Les approches à utiliser incluent principalement des analyses statistiques d'écologie de communautés et des analyses bioinformatiques de séquences obtenues (logiciel R, manipulation de fichiers en ligne de commande, etc). De plus, le stagiaire analysera la diversité de certains virus de façon approfondie par l'obtention de la séquence complète de leur génome par RT-PCR et séquençage, suivie par des analyses phylogénétiques.