

STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE

Rentrée 2018

Etude des facteurs éco-évolutifs régissant les interactions entre les chauves-souris et les virus

Encadrantes : Stéphanie Jacquet ^{1,2,3} (stephanie.jacquet@univ-lyon1.fr), Lucie Etienne ^{1,2} (lucie.etienne@ens-lyon.fr), Dominique Pontier ^{2,3} (dominique.pontier@univ-lyon1.fr)

¹CIRI, Centre International de Recherche en Infectiologie (site ENS de Lyon), ²LabEx ECOFECT, ³UMR CNRS 5558 LBBE (Villeurbanne)

Contexte

Les chauves-souris sont connues pour héberger une grande diversité de virus parmi lesquels un bon nombre sont zoonotiques et pathogènes pour l'homme (Brook *et al.* 2015, Olival *et al.* 2017). Toutefois, elles ne montrent que rarement de signes pathologiques à ces infections. Les hypothèses évoquées pour expliquer cette absence de signes sont liées à leurs traits d'histoire de vie (ex. longévité, structures sociales complexes, capacité de vol) et à des caractéristiques évolutives spécifiques de leur répertoire immunologique leur permettant de tolérer ou bloquer efficacement les infections virales pathogènes (Zhang *et al.* 2013; Zhou *et al.* 2016; De La Cruz-Rivera *et al.* 2018; Pavlovich *et al.* 2018; Xie *et al.* 2018). Cependant, ces hypothèses restent à confirmer. Les interactions antagonistes entre virus pathogènes et hôtes peuvent conduire à des changements adaptatifs chez les deux protagonistes, façonnant ainsi l'évolution de leurs génomes. L'objectif de ce stage est d'évaluer l'effet de la pression virale sur l'évolution des génomes des chauves-souris et de comprendre son impact sur les modalités d'association des chauves-souris.

Dans un premier temps, l'étudiant-e évaluera les stratégies d'associations des espèces de chauves-souris au sein des grottes, à partir des données recueillies par notre équipe, complétées par celles de la littérature. Notre hypothèse est que l'association d'espèces phylogénétiquement proches augmenterait les risques de transmissions inter-espèces de pathogènes. Ainsi, l'objectif sera de déterminer si les espèces de chauves-souris au sein des communautés sont plus proches ou au contraire plus éloignées phylogénétiquement par rapport à une association aléatoire des espèces au sein des communautés.

Par ailleurs, afin d'évaluer indirectement la pathogénicité des virus modernes (Compton *et al.* 2012, Spragg *et al.* 2013) sur les chauves-souris, nous étudierons l'évolution intra-spécifique d'un gène de l'immunité ayant une fonction antivirale importante et directe à l'encontre d'un large spectre de virus (ex. poxvirus, VIH, influenza). Si les virus impactent négativement la fitness des chauves-souris, une variabilité intra-spécifique et une sélection positive du gène d'intérêt est attendue au niveau des sites d'interactions virus-hôte. L'analyse comparative de la diversité de ce gène, chez des espèces solitaires ou vivant en groupe monospécifique en forêt et des espèces vivant en communauté plurispécifique (dans les grottes), permettra de déterminer l'effet du mode de vie sur l'évolution de l'immunité intrinsèque des chauves-souris.

Globalement, cette étude permettra de mieux comprendre le rôle respectif des facteurs écologiques et évolutifs qui modulent les interactions entre les chauves-souris et les virus.

L'équipe réunit l'ensemble des compétences à la fois conceptuelles et méthodologiques pour mener à bien ce travail de nature interdisciplinaire.

Techniques abordées

Selon l'expertise et les intérêts de l'étudiant-e, le projet inclura des analyses statistiques et de bio-informatique (alignement, phylogénie, analyses de sélection, génétique des populations), et/ou de biologie moléculaire et cellulaire (extraction ARN/ADN, RT-PCR, séquençage, clonage).

Profil Requis

Fort intérêt pour l'interdisciplinarité à l'interface entre l'évolution moléculaire, l'écologie et l'infectiologie, et goût pour la biologie moléculaire et l'analyse de données.

Bibliographie associée

Brook C.E. & Dobson A.P. (2015). Bats as 'special' reservoirs for emerging zoonotic pathogens. *Trends Microbiol*, 23, 172-80.

De La Cruz-Rivera P.C., Kanchwala M., Liang H., Kumar A., Wang L.F., Xing C. & Schoggins J.W. (2018). The IFN Response in Bats Displays Distinctive IFN-Stimulated Gene Expression Kinetics with Atypical RNASEL Induction. *J Immunol*, 200, 209-217.

Zhang G., Cowled C., Shi Z., Huang Z., Bishop-Lilly K.A., Fang X., Wynne J.W., Xiong Z., Baker M.L., Zhao W., Tachedjian M., Zhu Y., Zhou P., Jiang X., Ng J., Yang L., Wu L., Xiao J., Feng Y., Chen Y., Sun X., Zhang Y., Marsh G.A., Crameri G., Broder C.C., Frey K.G., Wang L.F. & Wang J. (2013).

Comparative analysis of bat genomes provides insight into the evolution of flight and immunity. *Science*, 339, 456-60.