



STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE

Rentrée 2020

Biodiversité et maladies émergentes : une étude de biologie évolutive par simulations informatiques.

Contexte :

La pandémie de COVID-19 a ravivé un débat relatif à l'effet du dépérissement de la biodiversité sur l'augmentation de la fréquence de zoonoses telles que celle qui a donné lieu à la pandémie actuelle. Deux mécanismes sont généralement invoqués pour expliquer la corrélation négative entre la biodiversité et la fréquence de zoonoses : le premier est lié aux activités humaines qui en détruisant la biodiversité induisent des contacts faunes - humains et ainsi augmentent le risque de zoonose. Le second correspond à l'effet de dilution qui invoque divers processus d'écologie des communautés pour expliquer le fait que dans les zones à faible biodiversité, l'abondance de parasites est souvent plus grande, ce qui augmente le risque de zoonose.

Bien que du point de vue du parasite, le changement d'hôte que constitue une zoonose représente un saut évolutif majeur, la corrélation négative entre la biodiversité et la fréquence de zoonoses n'a pour ainsi dire jamais été étudiée avec une perspective d'écologie évolutive. C'est l'objectif de ce stage.

Objectif du stage :

Ce stage vise à étudier les effets interactifs entre la 6^{ème} extinction de masse du vivant et la stochasticité phénotypique sur la fréquence des zoonoses à l'aide de simulations de co-évolutions hôtes-parasites. Un modèle mathématique et informatique permettant de simuler la co-évolution hôtes-parasites et les changements d'espèces d'hôtes a été développé. Il permet d'étudier l'effet de la taille de la population d'hôtes sur le risque de zoonose. L'objectif de ce stage est d'étendre ce modèle pour inclure la stochasticité phénotypique et étudier l'effet d'interaction entre celle-ci et la taille de la population d'hôtes sur le risque de zoonose.

Le modèle est programmé en [Julia](#). Ce stage nécessitera de bonnes connaissances en biologie évolutive, une certaine aptitude au calcul probabiliste, et une forte aptitude à la programmation ou à minima une bonne maîtrise de l'outil informatique et une très forte motivation pour apprendre à programmer.

Selon l'avancée de l'étudiant, cette question pourra **peut-être** être aussi étudiée au niveau génomique en utilisant le modèle [Aevol](#) développé par une équipe de Lyon avec laquelle nous collaborons.

Lieu et conditions du stage :

Le stage se déroulera dans l'équipe GEM, dirigée par Dominique Schneider, de l'unité de recherche TIMC- IMAG ([site internet](#)) à l'Université Grenoble Alpes. Ce stage ne nécessitant pas d'expérimentation, un éventuel re-confinement ne l'impactera que modérément. La rémunération se fera sous forme de gratifications de 620€/mois pendant 6 mois.

Candidature :

Envoyer un CV et une lettre de motivation à Hugo Mathé-Hubert hugo.mathe-hubert@univ-grenoble-alpes.fr et Dominique Schneider Dominique.Schneider@univ-grenoble-alpes.fr. N'hésitez pas à contacter Hugo Mathé-Hubert pour de plus amples informations avant une éventuelle candidature.