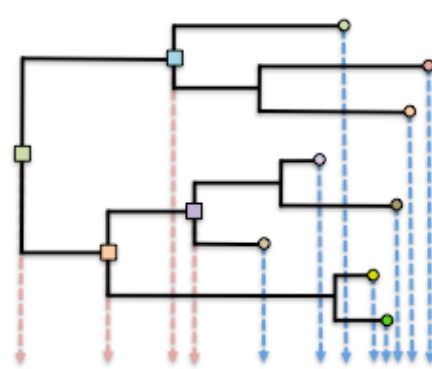


## Offre de stage de M2 (2018): Apport de l'ADN ancien dans l'étude de l'émergence et de l'évolution des bactéries pathogènes des cultures.



**Mots clefs :** ADN Ancien, Epidémiologie moléculaire, Génomique des populations, Inférences phylogénétiques, Chancre des agrumes.

**Contexte général :** Afin de mieux contrôler les maladies actuelles des cultures et prévenir les épidémies futures, il est indispensable de mieux comprendre les facteurs contrôlant l'émergence, l'adaptation et la diffusion des agents pathogènes [1]. De récents développements méthodologiques dans le domaine de l'épidémiologie moléculaire permettent désormais de reconstruire les dynamiques spatio-temporelles des maladies avec une précision accrue [2]. Alors que la quasi-totalité des études précédemment réalisées se sont entièrement appuyées sur l'échantillonnage d'individus contemporains (période de 30 ans au maximum), de récents progrès dans les technologies de séquençage permettent désormais de reconstruire les génomes historiques datant de plusieurs siècles [3]. Illustré par la reconstruction de l'épidémie du mildiou de la pomme de terre qui au 19ème siècle a causé la grande famine Irlandaise, le séquençage d'ADN ancien d'agents pathogènes permet de mieux reconstruire leur origine et d'élucider leur évolution passée [4].

**Objectifs du stage :** Lors de ce stage, l'étudiant s'attachera à détecter, séquencer et analyser des acides nucléiques anciens (aADN) bactériens à partir de spécimens historiques provenant d'herbiers. Le modèle biologique d'étude considéré est *Xanthomonas citri* pv. *citri* (Xcc), une bactérie phytopathogène responsable du chancre Asiatique des agrumes. Cette maladie exerce de fortes contraintes agro-économiques dans les nombreux pays agrumicoles où elle est présente. Les objectifs du stage seront doubles. Disposant d'échantillons d'herbiers d'agrumes infectés par Xcc datant du siècle dernier, l'étudiant s'attachera dans un premier temps à extraire, amplifier et séquencer l'ADN historique de Xcc. Dans un second temps, l'étudiant aura pour mission de comparer la diversité génétique ancienne ainsi générée avec celle observée de nos jours en tirant profil d'un large jeu de données contemporain composé de génomes de Xcc provenant de différentes régions du monde. Des analyses de génétique des populations (analyses multivariées, indices de diversités, inférences phylogénétiques...) seront menées afin de tenter de reconstruire les routes invasives et de caractériser plus finement certains traits biologiques encore trop méconnus de la bactérie (comme par exemple son taux de mutation). Une meilleure connaissance de ces processus épidémiologiques et évolutifs est nécessaire pour améliorer notre capacité à mieux contrôler et gérer les épidémies actuelles et futures de chancre asiatique.

**Compétences :** Le sujet ne requiert pas de compétences initiales fortes mais un goût certain pour le laboratoire (biologie moléculaire) et les analyses de type génétique des populations (statistiques, phylogénie et utilisation de logiciels spécialisés incluant R).

**Organisme d'accueil :** CIRAD – UMR PVBMT à St Pierre de la Réunion - Site web : <https://umr-pvbmt.cirad.fr/>

**Rétribution financière :** – Environ 550 euros/mois. Nous prenons également à notre charge la totalité des frais de voyage et la moitié des frais de logement.

**Laboratoires partenaires au projet :** CIRAD et IRD (UMR BGPI et IPME à Montpellier), Museum d'histoire Naturelle de Paris (MNHN, Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité)

**Encadrant principal (contact):** Adrien RIEUX ([adrien.rieux@cirad.fr](mailto:adrien.rieux@cirad.fr))

**Collaborateurs/autres encadrants :** Nathalie Becker (MNHN - PVBMT), Lionel Gagnevin (CIRAD - IPME), Boris Szurek (IRD - IPME), Philippe Roumagnac (CIRAD – BGPI).

**Candidature :** Envoyer CV + lettre de motivation à l'adresse mail ci dessus

**Perspective de thèse :** Possible

#### Références bibliographiques citées:

[1] Anderson PK, Cunningham AA, Patel NG, Morales FJ, Epstein PR, Daszak P. **Emerging infectious diseases of plants: pathogen pollution, climate change and agrotechnology drivers.** *Trends in Ecology & Evolution*. 2004; 19(10):535-44.

[2] Croucher NJ, Didelot X. **The application of genomics to tracing bacterial pathogen transmission.** *Current Opinion in Microbiology*. 2015;23:62-7.

[3] Yoshida K, Burbano HA, Krause J, Thines M, Weigel D, Kamoun S. **Mining Herbaria for Plant Pathogen Genomes: Back to the Future.** *Plos Pathogens*. 2014;10(4).

[4] Martin MD, Cappellini E, Samaniego JA, Zepeda ML, Campos PF, Seguin-Orlando A, et al. **Reconstructing genome evolution in historic samples of the Irish potato famine pathogen.** *Nature Communications*. 2013;4.

#### Autres références bibliographiques:

- Rieux A, Balloux F. **Inferences from tip-calibrated phylogenies: a review and a practical guide.** *Molecular Ecology*. 2016.

- Clemens L. Weiß, Verena J. Schuenemann, Jane Devos, Gautam Shirsekar, Ella Reiter, Billie A. Gould, John R. Stinchcombe, Johannes Krause, Hernán A. Burbano. **Temporal patterns of damage and decay kinetics of DNA retrieved from plant herbarium specimens** *Royal Society Open Science*. 2016

