



Proposition de stage de recherche 6 mois

ORGANISME D'ACCUEIL

Nom : UMR Peuplements végétaux et bioagresseurs en milieu tropical (PVBMT)

Cirad-Université de la Réunion

Adresse : Pôle de Protection des Plantes, 7 Chemin de l'IRAT, Ligne-Paradis, Saint Pierre, La Réunion

Responsable du stage : Cyril Jourda (CIRAD)

Tél : +262 (0) 262 49 92 21 - Email : cyril.jourda@cirad.fr

Sujet : Reconstruction de l'histoire évolutive du complexe d'espèce *Ralstonia solanacearum* par une approche phylogénomique

Le flétrissement bactérien est causé par les souches du complexe d'espèces *Ralstonia solanacearum* (ceRs). Ce complexe est structuré en 4 phylotypes distincts représentant des origines géographiques différentes. Récemment, une classification phylogénétique du ceRs en 3 espèces génomiques a été proposée et confirmée ultérieurement par une autre étude : les 4 phylotypes ont été regroupés en 3 espèces génomiques : i) *R. pseudosolanacearum* composé des souches du phylotype I et du phylotype III originaires respectivement d'Asie et d'Afrique ; ii) *R. solanacearum* composé des souches du phylotype II originaires des Amériques et iii) *R. szygii* composé des souches du phylotype IV originaires d'Indonésie-Australie-Japon (Safni et al., 2014 ; Prior et al., 2016). En outre, chaque phylotype est subdivisé en séquevars qui regroupe les souches dont les séquences partielles du gène *egl* codant l'endoglucanase divergent de moins de 1% (Fegan and Prior, 2005).

Notre laboratoire héberge une collection de souche du ceRs la plus importante au niveau mondial. Dans le cadre d'une collaboration avec le LIPM de Toulouse (R. Berthomé et F. Vaillau), les génomes complets d'environ 100 souches représentant la diversité génétique du ceRs sont séquencés par la technologie Illumina (profondeur de séquençage de 100x). Les génomes d'une 30aine d'entre-elles seront aussi séquencés par la technologie PacBio.

L'objectif du stage sera i) développer des suites d'outils bioinformatiques afin d'assembler les séquences génomiques et les annoter fonctionnellement, ii) de mettre en œuvre des approches de génomique comparative, de phylogénomique et de phylogéographie afin de reconstruire l'histoire évolutive du ceRs et iii) de produire une matrice de polymorphisme du pangéome afin de soutenir les futures approches d'études d'association à l'échelle des génomes (GWAS).

Nom du ou des maîtres de stage : Cyril Jourda

Moyens mis à disposition de l'étudiant :

Plateforme technique de microbiologie et de biologie moléculaire au Pôle de Protection des Plantes

Accès à la plateforme de bioinformatique SouthGreen et Poste bureautique

Indemnités de stage + Chèques déjeuner + aides au logement (sur demande)

Lieu : Pôle de Protection des Plantes à Saint Pierre.

Durée : 6 mois à partir de Février-Mars 2019.