## Année Universitaire 2022-2023

## **Proposition de Stage de Master (M2)**

Equipe d'Accueil : Zoonoses Equines et neuro-virologie

Intitulé de l'Unité : UMR ANSES/INRAE/ENVA Virology Nom du Responsable de l'Unité : Stephan Zientara Equipe d'acceuil : Zoonoses Equines et Neurovirologie Nom du Responsable de l'Équipe : Nolwenn M Dheilly

Adresse: 14 rue pierre et Marie Curie, 94701 Maisons-Alfort

Responsable de l'encadrement : Nolwenn M Dheilly

Tél: 0640390623..... Fax: 0143967396..... E-mail: nolwenn.dheilly@anses.fr...

**Titre du sujet de recherche :** Découverte, caractérisation génomique et isolement de virus de parasites.

## Résumé du projet

Le terme de « Matière noire virale » est utilisé pour nommer la diversité virale encore inconnue et qui reste à être découverte. L'utilisation de nouvelles approches de séquençage a permis d'augmenter de façon importante le rythme de découverte de nouvelles espèces, genres, familles, et ordres de virus, notamment car ces approches permettent la caractérisation génomique de virus sans nécessité leur isolement préalable. Les parasites ne font évidemment pas exception et ces dernières années ont été marquées par la découverte de nouveaux virus associés à des organismes parasitaires, et la démonstration que certains d'entre eux peuvent être transmis aux hôtes vertébrés parasités. Ces virus peuvent stimuler la réponse immunitaire de l'hôte et contribuer à la pathogénicité en aggravant les lésions inflammatoires. Mais, pour la plupart des parasites d'intérêt sanitaires, la présence de virus reste encore inconnue. Bien que la transmission de rhabdovirus de vers plats aux hôtes parasités ait été démontrée, et que la position phylogénétique de ces virus suggère qu'ils ont émergés par le passé dans des hôtes vertébrés, à ce jour, aucun de ces virus n'a été isolé en culture cellulaire. L'objectif de ce stage est de découvrir et caractériser le génome de nouveaux virus de parasites d'intérêt en santé publique vétérinaire et médicale, et d'isoler des virus cibles d'intérêt. Dans le cadre d'un partenariat entre 9 équipes de 5 laboratoires, les transcriptomes de plus de 90 espèces différentes de parasites seront séquencés afin de permettre la découverte de nouveaux virus à ARN. Dans le cadre de ce stage, l'analyse des données de séquençage permettra l'assemblage des génomes virales qui seront ensuite annotés, et leur position phylogénétique dans la diversité virale connue sera déterminée. Nous tenterons également d'isoler sur cellules de vertébrés des virus de trématodes et cestodes dont la position phylogénétique, ou des données expérimentales démontrent qu'ils peuvent infecter les hôtes parasités.

## Dernières Publications en lien avec le projet :

Dheilly et al. 2019. Parasite microbiome project: Grand challenges 2019 *Plos pathogens* 15(10): e1008028

Hahn et al. 2020 Characterization of viruses in a tapeworm: phylogenetic position, vertical transmission; and transmission to the parasitized host 2020 *The ISME J.* 14:1755-1767

Dheilly et al. 2022 A world of viruses nested within parasites: unraveling viral diversity within parasitic flatworms (Platyhelminthes). 2022 *Microbiol Spectr.* 10.1128/spectrum.00138-22