

# Proposition de stage de Master 2

## Titre du stage

---

**La dérive génétique dans les populations virales : méthodes d'estimation lors des transmissions inter-hôtes et conséquences sur l'évolution des populations**

## Laboratoire d'accueil

---

INRA Bordeaux-Aquitaine  
Unité Santé et Agroécologie du vignoble (UMR SAVE)  
71 avenue Edouard Bourlaux  
BP 81  
33883 Villenave d'Ornon cedex

## Responsable du stage

---

Frédéric FABRE  
E-mail : [Frederic.Fabre@bordeaux.inra.fr](mailto:Frederic.Fabre@bordeaux.inra.fr)  
Tél. : 05 57 12 26 42

## Co-encadrement

---

Gaël THEBAUD  
INRA Montpellier  
UMR BGPI (Biologie et Génétique des Interactions Plante-Parasite)  
E-mail : [thebaud@supagro.inra.fr](mailto:thebaud@supagro.inra.fr)  
Tél. : 04 99 62 48 55

Rachid SENOUSSE  
INRA Avignon  
Unité BioSP (Biostatistique et Processus Spatiaux)  
E-mail : [Rachid.Senoussi@avignon.inra.fr](mailto:Rachid.Senoussi@avignon.inra.fr)  
Tél. : 04 32 72 21 84

## Résumé du projet de stage

---

La dérive génétique est une force évolutive résultant du tirage aléatoire, parmi les génomes existants dans la population, d'un sous-échantillon qui contribue à la suite du cycle biologique de l'organisme. Plus la taille de ce sous-échantillon est faible, plus la dérive génétique contrecarre l'effet de la sélection naturelle dans la population considérée. Ces phénomènes d'échantillonnage sont fréquents chez les agents pathogènes, en particulier lors de leur transmission entre un hôte infecté et un hôte sain. Lors de cette étape cruciale de leur cycle biologique, le nombre de génomes transmis détermine ainsi l'intensité de la dérive à laquelle les agents pathogènes sont soumis. Cependant, malgré son importance conceptuelle et pratique, cette variable demeure largement méconnue.

Les encadrants du stage ont développé des modèles d'estimation pour des virus de plante lors des différentes étapes de l'infection virale et pour différents modes de transmission [1-4]. Dans la première partie du stage, le/la stagiaire poursuivra ces travaux en proposant des estimateurs correspondant à différentes hypothèses biologiques (ex : nature des interactions entre génotypes viraux, différence de fitness entre ces génotypes, effets de seuils pour le déclenchement des infections) et étudiera leurs propriétés statistiques (notamment leur biais et leur

variance). Puis, il/elle proposera des méthodes de sélection de modèles (correspondant à un ensemble d'hypothèses biologiques) expliquant le mieux les données publiées dans la littérature ou disponibles dans les laboratoires des encadrants (généralement, la fréquence d'hôtes infectés par 0, 1 ou 2 virus différents marqués). Dans la seconde partie du stage, le/la stagiaire s'inspirera de travaux existants [5] pour explorer les conséquences sur l'évolution de populations virales transmises à la fois horizontalement (entre hôtes d'une même génération) et verticalement (d'un hôte à sa descendance). Cette étape reposera sur l'utilisation d'une version modifiée du modèle de simulation de l'évolution des populations virales proposé par Bergstrom et al. [5].

### **Autres informations**

---

- Une expérience de programmation avec le logiciel R est souhaitée.
- En fonction du profil du/de la stagiaire, quelques périodes de travail à Montpellier et/ou Avignon sont possibles.
- Une localisation principale à Montpellier est envisageable.
- Montant des indemnités de stage : 436 € / mois + indemnités de déplacement si nécessaire (mission).

### **Références**

---

- 1- Moury B., Fabre F., Senoussi R. (2007) Estimation of the number of virus particles transmitted by an insect vector. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 104: 17891-17896.
- 2- Gutiérrez S., Yvon M., Thébaud G., Monsion B., Michalakis Y., Blanc S. (2010) Dynamics of the multiplicity of cellular infection in a plant virus. *PLoS Pathogens* 6(9): e1001113.
- 3- Fabre F., Moury B., Johansen I. E., Simon V., Jacquemond M., Senoussi R. (2014) Narrow bottlenecks affect *Pea seedborne mosaic virus* populations during vertical seed transmission but not during leaf colonization. *PLoS Pathogens* 10(1): e1003833.
- 4- Péréfarres F., Thébaud G., Lefeuvre P., Rimbaud L., Hoareau M., Chiroleu F., Reynaud B., Lett J.-M. (2014) Frequency-dependent assistance as a way out of competitive exclusion between two strains of the same emerging virus. *Proc. Roy. Soc. B* 281: 20133374.
- 5- Bergstrom C.T., McElhany P., Real L.A. (1999) Transmission bottlenecks as determinants of virulence in rapidly evolving pathogens. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96(9), 5095-5100.