

UMR 0346 Épidémiologie des maladies animales et zoonotiques (G. Vourc'h)

Directeur de thèse : Xavier Bailly (IR2 INRA)

xavier.bailly@inra.fr

Contribution des données de génomique des populations à l'étude de la dynamique des populations et du potentiel zoonotique dans le complexe d'espèce *Borrelia burgdorferi* s.l.

Les données de génomique des populations d'agents pathogènes sont susceptible de fournir un ensemble d'informations sur leur phénotypes, leur épidémiologie, et leur évolution¹. Ces informations étant difficilement accessibles par ailleurs, elle peuvent se révéler critique pour organiser efficacement la prévention et/ou la lutte contre ces pathogènes.

Ce projet de thèse propose d'étudier la génomique des populations de l'espèce du complexe *Borrelia burgdorferi* s.l. responsable de la majorité des cas neurologiques de maladie de Lyme humaine sur le continent européen : *Borrelia garinii*.

Dans ce contexte, le candidat devra aborder deux questions de recherche en s'appuyant sur des données de génomique des populations :

- Peut-on obtenir un marqueur de la capacité des souches de *B. garinii* à infecter l'homme, et décrire comment cette capacité évolue au sein de l'espèce² ? Nous utiliserons des méthodes de génétiques d'association pour identifier les lignées de *B. garinii* présentant un fort risque zoonotique, voir les déterminants génétiques de ce phénotype.

- En quoi la diversité génomique des lignées de *B. garinii* nous informe sur leur dynamique épidémiologique et évolutive à une échelle contemporaine ? Les travaux engagés viseront à tester l'effet de différents processus sélectifs et démographiques sur la diversité génomique de *B. garinii*.

¹ Jacquot, M. et al., 2014. Comparative population genomics of the *B. burgdorferi* species complex reveals high degree of genetic isolation among species and underscores benefits and constraints to studying intra-specific epidemiological processes. PLoS One 9, e94384

² Bailly, X., 2017. Infect. Genet. Evol. 55, 45–47