

Offre de stage de Master 2

Titre du stage : Rôle des animaux dans l'épidémiologie de la schistosomiase urogénitale au Bénin : approches génomiques dans une perspective One Health.

Mots-clés : Schistosomiase, Maladie Tropical Négligée, Zoonose, Hybridation, Génomique des populations.

1 – Contexte

La schistosomiase est une maladie tropicale négligée qui touche plus de 250 millions de personnes dans le monde, principalement en Afrique subsaharienne. Transmise par des parasites du genre *Schistosoma*, elle représente un enjeu majeur de santé publique. L'espèce *Schistosoma haematobium*, responsable de la forme urogénitale de la maladie a longtemps été considérée comme spécifique aux humains. Toutefois, des travaux ont révélé l'existence d'hybrides entre *S. haematobium* et *S. bovis* (parasite du bétail), partagés à la fois par les humains, les bovins et les rongeurs en Afrique de l'Ouest, en particulier au Bénin. Ces découvertes soulèvent des questions fondamentales sur le rôle des animaux dans la transmission de la maladie, et sur la nécessité de repenser les stratégies de contrôle dans une perspective intégrée « One Health ». Le projet **ACTS (Animal Contribution To Schistosomiasis transmission)**, financé par l'Institut ExposUM (Université de Montpellier) vise à évaluer la contribution des animaux sauvages (rongeurs) et domestiques (bovins) à la transmission locale de la schistosomiase urogénitale au Bénin. Trois approches complémentaires sont mobilisées : **WP1. Génomique des populations** : analyse des flux de gènes entre parasites humains et animaux ; **WP2. Expérimentations animales** : évaluation de la compatibilité des parasites avec différents hôtes ; **WP3. Modélisation** : prédiction de l'impact des réservoirs animaux sur la dynamique de transmission.

2- Objectif du stage

Le/la stagiaire participera au volet « **génomique des populations** » (**WP1**) du projet ACTS en analysant des données de séquençage RADseq (Restriction site Associated DNA sequencing) issues de parasites collectés chez des humains et des bovins. Les objectifs sont de : **i.** caractériser la diversité génétique des parasites, et, **ii.** détecter les flux de gènes entre parasites issus des humains et des animaux, afin d'évaluer l'existence ou non de véritables cycles zoonotiques. Le/la stagiaire interagira également avec les volets complémentaires du projet (infections expérimentales – WP2, modélisation – WP3) et contribuera à relier les résultats moléculaires aux données épidémiologique de terrain (prévalence, intensité, diversité des hôtes). Selon l'avancée du projet et la motivation du/de la candidat-e, une mission sur le terrain au Bénin pourra être envisagée, en collaboration avec le CReMIT (Université d'Abomey-Calavi), pour participer aux infections expérimentales du projet et mieux comprendre le contexte épidémiologique local.

3 - Missions principales et méthodes

- Analyses bio-informatiques de données RADseq : démultiplexage, contrôle et filtres de qualité, alignement au génome de référence (*S. haematobium*), identification de SNP (logiciels STACKS ou ipyrad) ;



UNIVERSITÉ DE
MONTPELLIER
PROGRAMME D'EXCELLENCE I-SITE



Institut
exposum
UNIVERSITÉ DE MONTPELLIER

- Étude de la diversité génétique intra et inter-hôtes, analyses de parenté (sibship analyses), flux de gènes et introgression génomique (STRUCTURE, ADMIXTURE, PCA, estimation Dxy...);
- Interprétation des résultats dans le cadre du concept One Health ;
- Valorisation scientifique : rédaction d'un rapport de stage, présentation orale, et contribution possible à une publication internationale.

4 - Profil et compétences recherchées

- Formation en biologie/écologie évolutive, parasitologie, génétique ou bio-informatique ;
- Intérêt pour les approches intégratives combinant terrain, laboratoire et analyses moléculaires ;
- Connaissances de base en analyses de données génomiques et en programmation (R, Python ou équivalent) appréciées ;
- Bon sens de l'organisation, autonomie, capacité à travailler en équipe internationale et pluridisciplinaire.

5 - Encadrement et environnement de travail :

Le stage sera co-encadré par des chercheurs de l'**UMR IHPE** (Interactions Hôtes Pathogènes Environnements, Université de Perpignan, Université de Montpellier, CNRS, IFREMER) et de l'**UMR CBGP** (Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, IRD, CIRAD, INRAE, Montpellier SupAgro, Université de Montpellier). Le/la stagiaire bénéficiera de l'expertise de ces équipes en parasitologie, génétique/génomique des populations, ainsi que de collaborations étroites avec des partenaires au Bénin (**CRéMIT** : Centre de Recherche pour la lutte contre les Maladies Infectieuses Tropicales, Université Abomey Calavi ; **UR-BioPSIB** : Unité de Recherche en Biostatistique, Processus Spatiaux et Invasion Biologique, École polytechnique d'Abomey-Calavi) et aux États-Unis (**UMass** : Université du Massachusetts).

6 - Modalités pratiques :

Lieu : Perpignan (IHPE) avec déplacements ponctuels possible à Montpellier (CBGP - Campus Agropolis, Montferrier-sur-Lez).

Équipe d'accueil à l'IHPE : Micro-évolution des Interactions dans l'Anthropocène (MIA)

Équipe d'accueil au CBGP : Axe thématique « Écologie et évolution des zoonoses »

Durée : 6 mois (Janvier-Juin 2026, dates flexibles)

Indemnisation : selon gratification réglementaire

Encadrants :

Pr. Jérôme Boissier : boissier@univ-perp.fr

Dr. Julien Kincaid-Smith: kincaid-smith.julien@ird.fr

7 - Candidature

Envoyer un CV détaillé + une lettre de motivation à : boissier@univ-perp.fr et kincaid-smith.julien@ird.fr. **Objet du mail** : Candidature Stage M2 – ACTS

Date limite de candidature : 2 novembre 2025

Sélection des candidats : du 3 au 7 novembre 2025

Références :

- 1- Savassi et al. *Mastomys natalensis* (Smith, 1834) as a natural host for *Schistosoma haematobium* (Bilharz, 1852) Weinland, 1858 x *Schistosoma bovis* Sonsino, 1876 introgressive hybrids. *Parasitol Res.* 2021;120(5):1755-70.
- 2- Savassi et al. Cattle as natural host for *Schistosoma haematobium* (Bilharz, 1852) Weinland, 1858 x *Schistosoma bovis* Sonsino, 1876 interactions, with new cercarial emergence and genetic patterns. *Parasitol Res.* 2020;119(7):2189-205.
- 3- Landeryou et al. Genome-wide insights into adaptive hybridisation across the *Schistosoma haematobium* group in West and Central Africa. *PLoS Negl Trop Dis.* 2022 Jan 31;16(1):e0010088. doi: 10.1371/journal.pntd.0010088. PMID: 35100291; PMCID: PMC8803156.
- 4- Shortt et al. Whole Genome Amplification and Reduced-Representation Genome Sequencing of *Schistosoma japonicum* Miracidia. *PLoS Negl Trop Dis.* 2017 Jan 20;11(1):e0005292. doi: 10.1371/journal.pntd.0005292. PMID: 28107347; PMCID: PMC5287463.
- 5- Shortt et al. Population genomic analyses of schistosome parasites highlight critical challenges facing endgame elimination efforts. *Sci Rep* **11**, 6884 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-86287-y>
- 6- Nikolakis et al. (2021) Patterns of relatedness and genetic diversity inferred from whole genome sequencing of archival blood fluke miracidia (*Schistosoma japonicum*). *PLoS Negl Trop Dis* 15(1): e0009020. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009020>