



UMR 5244 Université de Perpignan via Domitia-CNRS-IFREMER-Université de Montpellier
Interactions Hôtes-Pathogènes-Environnements (IHPE)

Université de Perpignan via Domitia
58, avenue Paul Alduy, Bât R, F-66860 Perpignan Cedex, France
Tel : 33 (0)4 68 66 20 50 Fax : 33 (0)4 68 66 22 81
<http://ihpe.univ-perp.fr>

Post-doctorant(e) / ingénieur(e) de recherche en génomique des populations

Spécialisation : bio-informatique et biologie des interactions

Contexte du poste

La schistosomiase (ou bilharziose) est une maladie parasitaire due à des vers plats du genre *Schistosoma*. Elle touche plus de 200 millions de personnes dans le monde et constitue un problème de santé publique majeur, avec des conséquences sanitaires, sociales et économiques importantes. Transmise par contact avec de l'eau douce infestée de larves libérées par des mollusques, elle affecte principalement les populations rurales des zones tropicales et subtropicales. L'infection chronique entraîne des atteintes urinaires (sang dans les urines, fibrose vésicale) ou intestinales/hépatiques (diarrhées, hémorragies, fibrose hépatique, hypertension portale) selon les espèces de parasites. La lutte contre la schistosomiase repose principalement sur l'utilisation d'une seule molécule anti-helminthique : le praziquantel. Cette stratégie est mise en œuvre par des campagnes de traitement de masse ciblant les écoliers. Un écueil majeur est qu'elle ignore les réservoirs qu'ils soient humains (les adultes ou les enfants non scolarisés) ou animaux.

Depuis l'émergence de cette maladie en Corse du Sud et l'identification d'un pathogène hybride entre un parasite de l'Homme et un parasite de l'animal (bétail et rongeur) les craintes de transmission zoonotiques sont légitimement apparues. Ces parasites hybrides ont été détectés chez l'Homme dans tous les pays africains où ils ont été recherchés (Sénégal, Mali, Côte d'Ivoire, Bénin, Cameroun...). Chez l'animal, ils ont été identifiés chez les rongeurs (Sénégal et Bénin) et chez les bovins (Malawi et Bénin). Le projet ANR **AfzoonS** (AFrican ZOONotic Schistosomiasis: a paradigm shift) vise à étudier cette transmission zoonotique dans le village de Kessounou, au sud du Bénin, où des parasites hybrides ont été retrouvés simultanément chez l'Homme, les bovins et les rongeurs. Des parasites issus de chaque hôte seront soumis à une analyse de génomique des populations par séquençage RADseq (Restriction site Associated DNA sequencing). L'objectif sera d'analyser la dynamique et les flux de gènes entre parasites échantillonnés dans les différents compartiments : homme, rongeurs et bovins. In fine, ces données de polymorphisme issues des parasites échantillonnés chez l'homme seront mises en relation avec la sévérité de la maladie.

Le(la) post-doctorant(e) / ingénieur(e) recruté(e) aura pour objectif de réaliser la préparation des échantillons pour le séquençage (extraction d'ADN et construction des banques RAD) ainsi que l'analyse des données génomiques issues du séquençage haut débit (assemblage des données et alignement sur génome de référence ; appel de variants (SNP, Indels) ; calcul d'indicateurs du polymorphisme génétique ; délimitation des groupes génétiques, etc). La personne recrutée pourra également travailler sur d'autres données de génomique des populations déjà disponibles au laboratoire. Il/elle sera également amené à contribuer à l'analyse de données de



UMR 5244 Université de Perpignan via Domitia-CNRS-IFREMER-Université de Montpellier
Interactions Hôtes-Pathogènes-Environnements (IHPE)

Université de Perpignan via Domitia
58, avenue Paul Alduy, Bât R, F-66860 Perpignan Cedex, France
Tel : 33 (0)4 68 66 20 50 Fax : 33 (0)4 68 66 22 81

<http://ihpe.univ-perp.fr>

transcriptomique de parasites obtenues à partir d'infections expérimentales.
Des missions de terrain, en Afrique, pourront être réalisées.

Missions principales

- Mener des analyses de génomique des populations, depuis la préparation des banques jusqu'aux analyses populationnelles
- Développer et/ou utiliser des pipelines bio-informatiques pour l'analyse de grands jeux de données de RADseq et de transcriptomique
- Mettre en œuvre des analyses statistiques et populationnelles
- Rédiger des publications scientifiques et contribuer à la valorisation des résultats (communications orales, congrès internationaux, collaborations).
- Co-encadrer des étudiants de Master et participer aux activités collectives de l'équipe.

Compétences requises

- Doctorat en biologie évolutive, génomique des populations, bio-informatique, ou disciplines connexes.
- Solide expérience en bio-informatique appliquée à la génomique (utilisation d'un cluster de calcul et/ou environnement Galaxy, analyse de séquences, pipelines de traitement de données, statistiques associées).
- Une expérience sur des jeux de données RAD serait un fort atout
- Bonnes connaissances en génétique et/ou génomique des populations.
- Une expérience de l'analyse de données fonctionnelles (transcriptomique, génomique) serait un plus.
- Capacité à travailler en autonomie, tout en intégrant une équipe pluridisciplinaire.
- Excellentes compétences en communication scientifique écrite et orale (anglais indispensable).

Conditions du poste

- **Contrat** : CDD post-doctoral (24 mois).
- **Lieu** : Laboratoire IHPE, Université de Perpignan Via Domitia
- **Prise de fonction** : Janvier 2026
- **Rémunération** : selon expérience et grille de l'établissement.

Candidature

Les candidats sont invités à envoyer :

- Un CV détaillé (incluant liste de publications).
- Une lettre de motivation décrivant l'adéquation avec le poste.
- Les coordonnées de deux référents scientifiques.

Contacts : Jerome Boissier. boissier@univ-perp.fr
Eve Toulza. toulza@univ-perp.fr