

Interactions chiroptères/pathogènes : la diversité génétique réponse à l'environnement viral ?

Les Chiroptères sont les réservoirs majeurs de virus (Coronavirus-SRAS, Filovirus-Ebola, Lyssavirus-rage...). Cette capacité à agir comme des réservoirs et disperseurs privilégiés est liée à la fois, aux processus de coévolution à long terme entre virus et chauves-souris et aux interactions à court terme (survie suite à l'infection virale). Pour mieux comprendre ces interactions, deux grandes approches sont mis en œuvre en Guyane pour étudier (i) la réponse directe des chauves-souris à l'infection virale (recherche du virus de la rage chez les chiroptères en Guyane et (ii) les relations entre la pression de sélection induite par les pathogènes sur le génome de leur hôtes chiroptères.

En Amérique du Sud, les chauves-souris sont, pour exemple, les principaux réservoirs du cycle selvatique du virus rabique. Les chauves-souris des Antilles ne semblent, quant à elles, pas infectées par le virus rabique, ceci pouvant être associé à l'introduction récente des Lyssavirus en Amérique du Sud et à l'isolement des populations. De fait, les chauves-souris des Antilles ne sont pas soumises aux mêmes pressions de sélection induites par les pathogènes que les populations Amazoniennes. Pour étudier les forces de sélections induites par des agents pathogènes sur les populations de chauves-souris, nous avons choisi trois genres de chauves-souris trouvées dans les deux zones sélectionnées avec différentes pressions de pathogènes (Antilles vs Guyane) : *Molossus molossus*, *Sturnira lilium*, et *Artibeus sp.* Le génome de ces trois espèces sera comparé en fonction de leurs environnements en pathogènes afin de caractériser des gènes susceptibles d'être impliqués dans la réponse des populations à des environnements infectieux différents.