

Discipline : Virologie évolutive et risque zoonotique OneHealth

Sujet : Interfaces fonctionnelles et signatures prédictives des Sarbecovirus : de l'évolution intrahôte aux risques zoonotiques - Functional Interfaces and Predictive Signatures of Sarbecoviruses: From Intra-Host Evolution to Zoonotic Risks

Acronyme : EvoZoCoV

Mots clés : Viral evolution and host adaptation, Immunology of infectious diseases, Epidemiology and public health virology

Direction de thèse : LE GOUIL Meriadeg

Unité de recherche : UMR U1311 Dynamicure « Dynamique Microbienne associée aux Infections Urinaires et Respiratoires »

Etablissement : Université de Caen Normandie

Type de financement : Contrat doctoral Normandie Recherche 100% (sous condition suspensive d'obtention du financement)

Contact : [meriadeg.legouil@unicaen.fr](mailto:meriadeg.legouil@unicaen.fr)

Ce projet de thèse vise à caractériser la dynamique évolutive des *Sarbecovirus* et les liens avec leurs interfaces virus-hôte, en s'appuyant sur une étude longitudinale de plus d'une décennie menée dans des colonies de chauves-souris *Rhinolophus ferrumequinum* ainsi que sur des approches expérimentales, omiques et analytiques développées pour cette étude. En combinant analyses génomiques et phylogénétiques, études fonctionnelles ciblant les réponses immunitaires innées et adaptatives, et expériences des interactions virus / cellule en conditions contrôlées, le doctorant explorera les mécanismes permettant à certains *Sarbecovirus* de franchir les barrières d'espèce et d'évoluer vers des phénotypes à risque zoonotique. Le projet est conçu en continuité directe avec les travaux menés dans le cadre des projets EU MuseCoV et ANR EmerCoV et en articulation étroite avec un contrat post-doctoral consacré au crible et à la caractérisation fonctionnelle de *Sarbecovirus* de chauves-souris. À terme, cette approche intégrative doit permettre d'identifier des signatures évolutives, de tester leur périodicité et de préciser les déterminants virus / hôtes prédictifs du risque de transmission inter-espèces des coronavirus.

This PhD project aims to characterize the evolutionary dynamics of sarbecoviruses and their virus-host interfaces, building on a longitudinal study spanning over a decade in colonies of *Rhinolophus ferrumequinum* bats, as well as experimental, omics, and analytical approaches developed for this study. By combining genomic and phylogenetic analyses, functional studies targeting innate and adaptive immune responses, and controlled experiments on virus-cell interactions, the PhD candidate will explore the mechanisms enabling certain sarbecoviruses to cross species barriers and evolve toward zoonotic-risk phenotypes. The project is designed in direct continuity with work conducted under the EU MuseCoV and ANR EmerCoV projects, and closely integrated with a postdoctoral contract dedicated to screening and functional characterization of bat sarbecoviruses. Ultimately, this integrative approach should identify evolutionary signatures, to investigate their periodicity and virus-host determinants predictive of interspecies coronavirus transmission risk.