



ADEFACE : Adaptation des Eucaryotes

Face aux changements environnementaux

Symposium 3 avril 2014

Bibliothèque LEGS, BAT 13, CNRS, Gif sur Yvette

Organisé par : Réseau HTS (LabEx BASC « Biodiversité, Agro-écosystèmes, Sociétés, Climat » Paris Saclay) et ANR Adaptanthrop (Programme 6^{ème} extinction, resp. Myriam Harry)

Comité d'organisation : Myriam Harry, Antoine Branca, Jean-Luc Da Lage, Laure Kaiser-Arnault, Elsa Petit

Modératrice : Myriam HARRY

9h15-9h45. Carole Kerdelhué¹, Christian Burban, Maria-Rosa Paiva, Helena Santos, Manuela Branco. Différentiation génétique et écologique chez une population de processionnaire du pin à cycle. ¹ INRA, UMR CBGP, Montpellier

9h45-10h00. Bancal Marie-Odile¹, Launay M, de Valavieille-Pope C, Huber L. Adaptation thermique des agents pathogènes fongiques : quelles recherches développer pour améliorer la modélisation des pathosystèmes dans le contexte du changement climatique ? ¹ INRA, Versailles-Grignon

10h00-10h15. Legendre Frédéric¹, Whiting Michael, Nel André & Grandcolas Philippe. Trajectoires de développement et adaptation à l'environnement : une approche macro-évolutive chez les termites. ¹Institut de Systématique et Evolution, UMR7205, MNHN, Paris

10h15-10h30. Julien Fumey, Céline Noirot, Hélène Hinnaux, Sylvie Rétaux, Didier Casane¹. Adaptation d'*Astyanax mexicanus* à l'environnement cavernicole. ¹ Equipe "Evolution moléculaire et fonctionnelle des familles multigéniques", LEGS, UPR 9034, Gif-sur-Yvette

Pause

Modérateur : Olivier Martin

11h15-11h30. Vincent Castric. L'auto-incompatibilité chez les plantes à fleur : évolution moléculaire dans un contexte écologique et génomique explicite. UMR CNRS 8198 Laboratoire de Génétique et Evolution des Populations Végétales. Université Lille 1 - Sciences et Technologies Villeneuve d'Ascq.

11h30-11h45 . Jérôme Bourret, Elsa Petit¹, Axelle Marchant, Vagner Mendonça, João Aristeu da Rosa, Myriam Harry. Phylogénomique des espèces du genre *Rhodnius*, punaises hématophages vectrices de la maladie de Chagas, et adaptations à l'habitat humain. ¹LEGS, CNRS Gif-sur-Yvette/Université Paris Sud, Orsay

11h45-12h00. Aude Darracq, Stéphane Nicolas, Clémentine Vitte, **Johann Joets¹**. Approches bioinformatiques pour la construction d'un pan-génome chez le maïs. ¹UMR de génétique Végétale du Moulon, INRA, CNRS, Univ-Paris Sud, AgroParisTech, Gif-sur-Yvette

Déjeuner : 12h15-13h15

13h30-14h. Session Posters : Hall du LEGS

Stéphanie Boutet-Mercey, Sylvie Citerne, Gilles Clément, Cyril Gaertner, Francois Perreau, Frédérique Tellier et **Grégory Mouille**¹. L'Observatoire du Végétale Chimie/Métabolisme. ¹ Institut Jean-Pierre Bourgin (IJPB) UMR 1318 INRA-AgroParisTech INRA, 78026 Versailles

Pierre G., Wurmser F., Fougeyrollas R., Ogereau D., **Catherine Montchamp-Moreau**¹. The worldwide spread of transposable element insertions associated with pesticide exposure and impact on linked polymorphism in *Drosophila simulans*. ¹LEGS, CNRS, Université Paris-Sud, Gif-sur-Yvette

Sylvain Merlot¹, Hannibal L., Sarramegna V., Fogliani B., Lebrun M., Thomine S. Evometonicks: Molecular diversity and evolution of nickel hyperaccumulation in plants.¹Institut des Sciences du Végétal, Labex SPS, CNRS, Gif-sur-Yvette

Modératrice : Tatiana Giraud

14h00-14h30. Myriam Harry et al., ANR ADAPTANTHROP : adaptations des insectes tropicaux face aux changements environnementaux. DEEIT-IRD, LEGS-CNRS, UMR PISC-INRA, LBBE-UMR5558-Lyon1

14h30-14h45 . Floriane Chardonnet, Claire Capdevielle-Dulac, Bastien Chouquet, Nicolas Joly, Myriam Harry, Bruno Le Ru, Jean-François Silvain, **Laure Kaiser**¹. Rôle du gène foraging dans la variation du comportement alimentaire d'une chenille foreuse de plantes herbacées ¹CNRS UPR 9034, IRD UR 072 & Université Paris Sud Orsay, Gif-sur-Yvette

14h45-15h00. Axelle Marchant¹, Nicolas Glaser, Florence Mougél, Emmanuelle Jacquin-Joly, Myriam Harry. Contribution du système chimiosensoriel à l'adaptation des insectes aux anthroposystèmes : études transcriptomiques chez *Sesamia nonagrioides* et chez deux punaises vectrices de la maladie de Chagas. ¹LEGS, CNRS UPR 9034, IRD UR 072 Gif-sur-Yvette & Université Paris Sud Orsay

15h00-15h15. François Rebaudo¹, Arnaud Le Rouzic², Stéphane Dupas, Jean-François Silvain, Myriam Harry, Olivier Dangles. La modélisation individu-centrée pour représenter l'impact des changements d'usage du sol sur la structuration génétique des populations d'insectes. ¹IRD-BEI-UR072, LEGS CNRS, Gif-sur-Yvette

Pause

Modérateur : Marc-Henri Lebrun

15h45-16h15. Pascal Frey. Adaptation des champignons phytopathogènes aux pressions anthropiques en lien avec l'émergence de maladies des plantes. INRA, Université de Lorraine, UMR1136 "Interactions Arbres – Microorganismes, Champenoux

16h15-16h30. M. Bouzid Elkhessairi, **Genissel Anne**¹. Comprendre l'adaptation à la température chez un champignon pathogène du blé par une approche en génomique environnementale. ¹BIOGER, INRA, Thiverval Grignon

16h30-16h45. Da Lage Jean-Luc¹, Bonneau M., Claisse G., Commin C. Adaptation des amylases animales: implication d'une boucle "flexible". ¹LEGS, CNRS UPR 9034 Gif-sur-Yvette

16h45-17h00. **Branca Antoine**¹, Ropars J., Rodriguez de la Vega R., Lopez-Villavicencio M., Gouzy J., Sallet E., Malagnac F., Silar P., Debuchy R., Dupont J., Giraud T. Le rôle des transferts horizontaux dans l'adaptation des *Penicillium* du fromage. ¹Université Paris-Sud/ESE, CNRS, Orsay

17h00-17h15. Conclusion

17h15-17h30. Réunion du réseau HTS. Thématique et ordre du jour de la prochaine réunion

Résumés

Différentiation génétique et écologique chez une population de processionnaire du pin à cycle biologique décalé

Carole Kerdelhué¹, Christian Burban², Maria-Rosa Paiva³, Helena Santos³⁻⁴ et Manuela Branco⁴

¹INRA, UMR CBGP, Montpellier ; ²INRA, UMR BIOGECO, Bordeaux ; ³CENSE, Faculty of Sciences and Technology, Universidade Nova de Lisboa, Caparica, Portugal ; ⁴Centro de Estudos Florestais (CEF), Instituto Superior de Agronomia (ISA), University of Lisbon, Lisbon, Portugal

Les réponses écologiques et évolutives en réponse aux changements globaux sont déjà perceptibles chez beaucoup d'organismes. Face aux changements environnementaux d'origine anthropique, qui correspondent à des changements contemporains de pression de sélection, trois grands types de réponses sont attendus : (1) l'acclimatation rapide, à court terme, via la plasticité phénotypique ; (2) l'évolution des aires de distribution, via la dispersion vers des environnements plus favorables ; et (3) l'adaptation locale, via la sélection naturelle. Nous présenterons le cas exceptionnel d'une population naturelle de processionnaire (*Thaumetopoea pityocampa*) ayant subi un changement brutal de cycle biologique, et dont les individus sont désormais soumis à des conditions environnementales différentes des populations source.

T. pityocampa est une espèce de lépidoptère associée aux pins et présente sur le pourtour méditerranéen. La reproduction a lieu en été, le développement larvaire est hivernal. Les larves partent ensuite en procession pour se nymphoser dans le sol, dont les adultes émergent après une diapause obligatoire. En 1997, une population naturelle à cycle décalé (appelée SP, pour « summer population ») a été découverte au Portugal, dans la forêt de Leiria, en sympatrie avec des individus se développant selon le cycle typique (appartenant à la « winter population », WP). Dans la SP, la reproduction a lieu dès le mois de mai, le développement larvaire en été, et la procession de nymphose en septembre. Nous présenterons une synthèse des résultats obtenus ces dernières années en phylogéographie et génétique des populations, montrant à la fois une origine probablement locale et une forte différenciation génétique neutre de la SP par rapport aux WP environnantes. Nous montrerons ensuite que les individus de cette population phénologiquement décalée sont capables de survivre à des températures plus élevées que la population typique vivant en sympatrie, ce qui suggère une adaptation in situ rapide. Nous montrerons également que le compromis entre nombre et taille des œufs est différent entre les deux populations, conformément à ce qui peut être attendu chez cette espèce dans des environnements différents. Les recherches en cours pour mettre en évidence les régions du génome impliquées dans la modification du cycle de vie et dans l'adaptation locale seront présentées.

Adaptation thermique des agents pathogènes fongiques : quelles recherches développer pour améliorer la modélisation des pathosystèmes dans le contexte du changement climatique ?

Bancal Marie-Odile, Launay M., de Valavieille-Pope C., Huber L.

Afin d'anticiper les évolutions quantitatives et qualitatives de la production alimentaire d'ici la fin du siècle, les modèles de cultures sont sollicités et perfectionnés pour prédire les impacts du changement climatique (CC).

Néanmoins, rares sont ceux qui intègrent les évolutions des contraintes biotiques, et en particulier fongiques avec les évolutions du climat (Pautasso et al., 2012). Une approche préliminaire a été conduite au sein du programme ANR Climator (Brisson et Levraut 2010), notamment sur la rouille brune et la septoriose du blé. Les résultats de simulation suggèrent une augmentation de la survie hivernale de l'inoculum primaire ainsi que des risques d'infection printaniers en raison d'une augmentation des périodes d'humectation foliaire à température favorable. La nuisibilité en termes de rendement semble conjointement diminuer en raison de la réponse de la phénologie et de la croissance du blé au CC.

Une importante limite de cette approche est la non prise en compte de l'adaptation de ces pathogènes au climat. Or, l'adaptation thermique de certains pathogènes leur permet d'élargir leur extension géographique, ainsi en est-il de la rouille jaune avec l'apparition du pathotype Warrior adapté aux hautes températures (Mboup et al, 2012). Ce nouveau questionnement sur l'évolution du pathogène est proposé dans le projet CLIF « Changement climatique et maladies fongiques » (dans le cadre du méta-programme INRA-ACCAF sur l'adaptation des écosystèmes au CC). Ce projet propose (i) de caractériser ces pathotypes et (ii) d'incorporer leurs caractéristiques dans les modèles pour simuler les conséquences en termes d'impact sur les risques épidémiques et leur nuisibilité.

Trajectoires de développement et adaptation à l'environnement : une approche macro-évolutive chez les termites

Frédéric Legendre, Michael Whiting, André Nel, Philippe Grandcolas

Institut de Systématique et Evolution, UMR7205, MNHN, Paris

Les termites ont une histoire évolutive s'étalant sur ~150-200 millions d'années. Ils ont fait face à de multiples crises et aux changements environnementaux qui les accompagnent, et ont connu un succès écologique remarquable.

Parmi les facteurs potentiels pouvant expliquer ce succès, le mode de vie eusocial, avec ses castes stériles, est souvent avancé. Comprendre l'évolution des castes et des trajectoires de développement permettrait de mieux appréhender le succès évolutif de ce groupe et ses adaptations aux environnements continentaux à une échelle macro-évolutive. Dans ce contexte, le rôle des pressions écologiques sur l'évolution de l'eusocialité est mentionné de manière récurrente. De plus, il est classiquement reconnu que flexibilité développementale et signaux environnementaux interagissent étroitement. Ainsi, environnement, adaptation et eusocialité sont trois notions intimement liées dans l'évolution des termites.

En intégrant des données de développement au sein d'approches phylogénétiques, nous illustrons la versatilité des trajectoires de développement des castes d'ouvriers chez les termites. En effet, convergences des deux castes d'ouvriers (i.e. pseudergates et ouvriers 'vrais') et multiplicité de changements ontogénétiques (par exemple allongement/raccourcissement du développement post-embryonnaire et réduction/augmentation de la flexibilité développementale, selon les lignées) ponctuent l'évolution des termites. Nous inférons ensuite un cadre chronologique au travers d'études de datations nous permettant de remettre ces résultats dans le contexte des changements environnementaux majeurs intervenus depuis 200 millions d'années.

Adaptation d'*Astyanax mexicanus* à l'environnement cavernicole

Julien Fumey¹, Céline Noirod², Hélène Hinnaux³, Sylvie Rétaux³, Didier Casane^{1,4}

¹Equipe Evolution moléculaire et fonctionnelle des familles multigéniques, LEGS UPR 9034 CNRS, Gif-sur-Yvette, France ; ²Plateforme Bioinfo Genotoul, Unité MIAT INRA, Castanet Tolosan ; ³Equipe "Développement et Evolution du Cerveau Antérieur", UPR 3294 CNRS "Neurobiologie et Développement", Gif-sur-Yvette ; ⁴Université Paris Diderot, Sorbonne Paris Cité, France.

L'espèce *Astyanax mexicanus*, un poisson appartenant à l'ordre des Characiformes, présente la particularité qu'au sein de cette espèce existent des populations très différentes ; la plupart vivent dans les rivières, mais quelques unes sont cavernicoles et constituées de poissons aveugles et dépigmentés. Ces poissons sont beaucoup moins agressifs et présentent aussi d'autres particularités moins facilement observables. Différentes grottes ont été colonisées indépendamment, mais on observe l'évolution de phénotypes similaires. Si certaines caractéristiques des poissons cavernicoles peuvent s'expliquer par la fixation de mutations neutres dans cet environnement, il apparaît que les poissons cavernicoles sont mieux adaptés à vivre dans cet environnement que les poissons de surface. Cette adaptation implique-t-elle la fixation de mutations préexistantes à faible fréquence dans les populations ancestrales de surface qui ont colonisé les grottes ? Ou est-elle dépendante de l'apparition de mutations *de novo* ? C'est une question fondamentale dans le domaine de l'analyse du processus d'adaptation, et elle est particulièrement accessible chez cette espèce du fait des répliquions indépendantes du processus d'adaptation à un même changement d'environnement. Déterminer le temps pendant lequel ont été isolées les populations cavernicoles est une autre question d'importance car il contraint les mécanismes évolutifs à l'œuvre. Nous présenterons ici comment nous avons estimé l'âge d'une population cavernicole par une approche de génomique des populations. Il apparaît que cette population est probablement beaucoup plus récente qu'on le supposait précédemment. Nous discuterons ce que cela implique du point de vue des mécanismes de l'adaptation de cette population.

L'auto-incompatibilité chez les plantes à fleur : évolution moléculaire dans un contexte écologique et génomique explicite.

Vincent Castric

UMR CNRS 8198 Laboratoire de Génétique et Evolution des Populations Végétales. Université Lille 1 - Sciences et Technologies Villeneuve d'Ascq.

L'auto-incompatibilité est un système génétique de reconnaissance du non-soi qui gouverne le système de reproduction de nombreuses plantes à fleur, empêchant l'auto-fécondation et forçant la fécondation croisée. Les conditions écologiques qui permettent le maintien, la diversification et éventuellement la perte de ce système ont été identifiées relativement clairement, et ont des conséquences importantes sur l'évolution moléculaire de la région de génome contenant le système moléculaire clé-serrure sous sélection balancée sur lequel repose le système. Je détaillerai comment le recours à des approches de séquençage massif nous a permis de mieux comprendre les aspects mécanistiques de l'auto-incompatibilité chez les Brassicaceae, et comment la rupture du système d'auto-incompatibilité qui a accompagné la transition récente d'*Arabidopsis thaliana* vers l'autogamie a affecté les processus d'évolution moléculaire de cette région du génomique.

Phylogénomique des espèces du genre *Rhodnius*, punaises hématophages vectrices de la maladie de Chagas, et adaptations à l'habitat humain.

Jérôme Bourret¹, Elsa Petit^{1,2}, Axelle Marchant¹, Vagner Mendonça³, João Aristeu da Rosa³, Myriam Harry^{1,2}

¹ CNRS, Legs, Gif-sur-Yvette ; ² Université Paris-Sud, Orsay ; ³ FCF UNESP-Araraquara, Brazil

Une des causes principales de l'émergence des maladies parasitaires chez l'homme est le changement d'habitat des vecteurs suite à des modifications anthropiques de l'habitat originel. Une quantité croissante d'espèces de punaises hématophages vectrices de la maladie de Chagas (parasite *Trypanozoma cruzi*) s'adaptent aux anthroposystèmes. Nous comprenons aujourd'hui mal pourquoi certains des vecteurs de la maladie ont cette capacité d'adaptation alors que d'autres espèces apparentées n'ont pas ces capacités. Cette question est pourtant cruciale pour prédire quelles espèces sont potentiellement un risque pour l'homme. Après réalisation d'un séquençage génomique à haut débit de faible couverture, nous avons comparés les génomes de 14 espèces de *Rhodnius* qui varient dans leur capacité à se domicilier afin de comprendre les bases génétiques de cette adaptation.

Approches bioinformatiques pour la construction d'un pan-génome chez le maïs

Aude Darracq, Stéphane Nicolas, Clémentine Vitte, Johann Joets

UMR de génétique Végétale du Moulon, INRA, CNRS, Univ-Paris Sud, AgroParisTech
Gif-sur-Yvette

Les génomes au sein d'une même espèce peuvent être très variables. Chez les plantes, certaines régions sont partagées par tous les individus alors que d'autres, incluant des gènes actifs, peuvent être spécifiques de certains individus, le tout constituant le pan-génome (Morgante et al., 2007; Swanson-Wagner et al., 2010; Lai et al., 2010). Chez les plantes, l'organisation du pan-génome, les mécanismes évolutifs qui en sont à l'origine ainsi que l'implication éventuelle des régions spécifiques dans l'adaptation sont encore très mal connus ou compris. Pour éclairer ces questions, nous avons entrepris la construction d'un draft de pan-génome échantillonnant la diversité des maïs européens et américains. Dans un premier temps nous avons conduit une étude pilote avec deux lignées de manière à développer les méthodes bioinformatiques nécessaires. Une première version de pan-génome a été construite et est actuellement utilisée pour analyser la diversité des régions spécifiques dans un panel de 25 lignées de maïs. Les méthodes bioinformatiques développées ainsi que quelques résultats préliminaires seront présentés.

Références

Lai, J., Li, R., Xu, X., Jin, W., et al. (2010) Genome-wide patterns of genetic variation among elite maize inbred lines. *Nat Genet*, **42**, 1027-30.

Morgante, M., De Paoli, E. and Radovic, S. (2007) Transposable elements and the plant pan-genomes. *Curr Opin Plant Biol*, **10**, 149-55.

Swanson-Wagner, R.A., Eichten, S.R., Kumari, S., Tiffin, P., Stein, J.C., Ware, D. and Springer, N.M. (2010) Pervasive gene content variation and copy number variation in maize and its undomesticated progenitor. *Genome Res*, **20**, 1689-99.

L'Observatoire du Végétale Chimie/Métabolisme.

Stéphanie Boutet-Mercey, Sylvie Citerne, Gilles Clément, Cyril Gaertner, Francois Perreau, Frédérique Tellier et Grégory Mouille.

Institut Jean-Pierre Bourgin (IJPB) UMR 1318 INRA-AgroParisTech INRA, Versailles. Email : pfcv@versailles.inra.fr

La composante Chimie/Métabolisme de l'Observatoire du Végétal de l'Institut Jean-Pierre Bourgin met à la disposition de la communauté scientifique végétaliste, un ensemble d'outils analytiques dédié à la caractérisation d'une variété de composés issus des plantes. Le parc instrumental disponible au sein de cette Plateforme analytique consiste principalement en des instruments de chromatographie couplés à la spectrométrie de masse. Ces outils analytiques et les compétences présentes au sein de l'équipe permettent d'explorer l'incroyable diversité des molécules produites par la plante. Les quantifications et identifications que nous réalisons dans notre équipe permettent notamment d'identifier des biomarqueurs diagnostics de l'état physiologique des plantes et parfois marqueur de la réponse de la plante aux changements environnementaux qu'elle perçoit, que ces changements soient d'origine biotique ou abiotique.

The worldwide spread of transposable element insertions associated with pesticide exposure and impact on linked polymorphism in *Drosophila simulans*.

Pierre Gérard¹, François Wurmser^{1,2}, Romain Fougeyrollas¹, David Ogereau¹, Catherine Montchamp-Moreau¹

¹ LEGS, Université Paris-Sud, CNRS, Gif sur Yvette ; ² : adresse actuelle : Université de Tours, Département de Génomique

The evolution of insecticide resistance is a good example of rapid adaptation to human-mediated environmental changes. The upregulation of the Cytochrome P450 gene *Cyp6g1* associated with a transposon insertion in *Drosophila melanogaster*, and the subsequent correlation with DDT resistance, has become a classic case of adaptation involving cis-regulatory changes and gene expression variation. Using high-throughput gene expression analysis in a comparative study between a population from the African ancestral range of *Drosophila simulans* and a derived population from Europe, we revealed a strong increase in expression of detoxification genes in Europe, such as Glutathione transferases and Cytochromes P450. We examined the worldwide polymorphism in transposable element insertions at the *Cyp6g1* locus and show that different elements have been recruited and spread in regions where pesticide exposure should have been high. We further analyzed the polymorphism in the *Cyp6g1* region and at other non-coding loci scattered along the second chromosome to detect potential selective sweeps associated with the spread of the insertions in anthropized environments.

Financement ANR projet Adaphanthrop

Evometonicks: Molecular diversity and evolution of nickel hyperaccumulation in plants.

Sylvain Merlot^{1,2}, Laure Hannibal², Valérie Sarramegna³, Bruno Fogliani⁴, Michel Lebrun⁴, Sébastien Thomine¹.

¹ISVI, Labex SPS, CNRS, Gif-sur-Yvette ; ²IRD, Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Nouméa, Nouvelle-Calédonie ; ³Laboratoire Insulaire du Vivant et de l'Environnement, Université de la Nouvelle-Calédonie ; ⁴Institut Agronomique néo-Calédonien, Païta, Nouvelle-Calédonie ; ⁵ Université Montpellier 2, Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus International de Baillarguet, Montpellier

Nickel is an economically important metal and sustainable phytotechnologies, such as phytoremediation and phytomining, are developed to limit the impact of nickel mining on the environment. Worldwide, more than 400 plant species scattered in 40 families are known to accumulate more than 0,1% nickel and could therefore be used to support the development of these phytotechnologies. However, despite this large diversity of nickel hyperaccumulators, our knowledge of the molecular mechanisms involved in nickel tolerance and accumulation is still very scarce and restricted to herbaceous Brassicaceae.

In order to broaden our knowledge of nickel accumulation, we used NGS technology to sequence the leaf transcriptome of *Psychotria gabriellae*, a tropical nickel hyperaccumulator of the Rubiaceae family endemic from New Caledonia. We obtained more than 30.000 contigs after *de novo* assembly of the reads. Among candidate genes involved in nickel homeostasis, we showed that the PgIREG1 transporter of the ferroportin family is able to transport nickel and localizes in the vacuolar membrane. In addition, *PgIREG1* is more expressed in leaves of *P. gabriellae* than in the closely related non-accumulator species *P. semperflorens*. Together, these results suggest that PgIREG1 is involved in nickel hyperaccumulation. To identify additional genes involved in nickel accumulation in *Psychotriaceae*, we will compare the shoot and root transcriptomes of these related hyperaccumulator and non-accumulator species. We will also use this strategy to identify genes linked to nickel hyperaccumulation in other plant families including Brassicaceae and Cunoniaceae in order to identify conserved or more divergent mechanisms involved in nickel accumulation in plants.

ANR ADAPTANTHROP : adaptations des insectes tropicaux face aux changements environnementaux.

Myriam Harry et al.

DEEIT-IRD, LEGS-CNRS, UMR PISC-INRA, LBBE-UMR5558-Lyon1

Certaines espèces ou populations sont adaptées aux anthroposystèmes alors que d'autres montrent un éventail d'habitats avec des populations sauvages et domestiques? Est-ce par hasard (dérive génétique), par la sélection de traits avantageux? L'objectif principal de ce projet est de documenter les types de réponse (plasticité, adaptation, migration) des insectes tropicaux face aux changements environnementaux, à l'échelle de la population et des espèces, et à toutes les échelles de variation génétique.

En utilisant des insectes ravageurs des cultures (*Tecia solanivora* ravageur de la pomme de terre en Amérique Latine, *Sesamia nonagrioides* ravageur du maïs en Afrique et en Europe), des vecteurs de maladies humaines (*Rhodnius* et *Triatoma*, vecteurs de la maladie de Chagas en Amérique Latine), et des commensaux de l'homme (espèces de drosophiles cosmopolites), d'habitats anthropisés et non anthropisés, les objectifs spécifiques de notre étude sont : i) de documenter les relations entre la diversité génétique et l'adaptation à différentes échelles (biochimique, comportementale, phénotypique) ; ii) d'étudier les gènes et les mécanismes de régulation impliqués dans les processus adaptatifs au niveau des populations et des espèces ; iii) de modéliser et prédire les effets des changements environnementaux dus à l'anthropisation en termes de risques agronomiques ou sanitaires.

Rôle du gène *foraging* dans la variation du comportement alimentaire d'une chenille foreuse de plantes herbacées

Floriane Chardonnet¹ Claire Capdevielle-Dulac¹, Bastien Chouquet¹, Nicolas Joly¹, Myriam Harry¹, Bruno Le Ru^{1,2}, Jean-François Silvain¹ and Laure Kaiser^{1,3}

¹LEGS, CNRS UPR 9034, IRD UR 072 & Université Paris Sud, Gif-sur-Yvette ; ²icipe, Duduville Campus, Kasarani, Nairobi, Kenya ; ³INRA, Département Santé des Plantes et Environnement

L'importance des dégâts infligés à une plante par un insecte phytophage dépend de ses comportements alimentaires. Les bases génétiques et moléculaires de ces comportements restent peu connues. *Foraging*, un gène codant une kinase (PKG 1) dépendante du cGMP (guanosine monophosphate cyclique), a une fonction conservée dans l'évolution, dans les stratégies d'alimentation. Ce gène n'avait jamais été étudié chez un Lépidoptère, ordre qui inclut de nombreuses espèces ravageuses de plantes cultivées comme la sésamie du maïs, *Sesamia nonagrioides* Lefebvre (Lepidoptera : Noctuidae), foreuse de tiges de plantes céréalières et sauvages. Le séquençage complet du cDNA de *foraging* chez *S. nonagrioides* montre une forte conservation avec d'autres espèces et ordres d'insectes. L'activation spécifique de l'enzyme encodé, PKG 1, par un analogue du cGMP, augmente l'activité de recherche alimentaire, qui est mesurée chez les chenilles par la fréquence de va et vient entre deux sites de nourriture dans un actimètre. Ces résultats montrent que la fonction du gène est conservée chez une espèce de Lépidoptère. Au sein d'une population naturelle nous avons observé deux allèles différant en un seul nucléotide (SNP) et correspondant à un changement d'acide aminé dans la séquence de l'enzyme. Ces variants n'ont pas le même niveau d'activité de recherche de nourriture dans l'actimètre et la différence comportementale est corrélée positivement avec une différence de niveau d'expression du gène. Cette étude révèle ainsi un SNP associé à une variation dans le comportement alimentaire d'une chenille ravageuse de cultures

Financement ANR projet Adapthantrop

Contribution du système chimiosensoriel à l'adaptation des insectes aux anthroposystèmes: études transcriptomiques chez *Sesamia nonagrioides* et chez deux punaises vectrices de la maladie de Chagas.

Axelle Marchant^{1,2,*}, Nicolas Glaser^{1,3,}, Florence Mougel^{1,2}, Emmanuelle Jacquin-Joly³, Myriam Harry^{1,2}**

¹LEGS, CNRS UPR 9034, IRD, Psud, Gif-sur-Yvette, ²Université Paris Sud, Orsay, ³UMR PISC INRA Versailles

Les technologies de séquençage à haut débit fournissent des solutions à des questions auparavant sans réponses notamment sur les mécanismes génétiques impliqués dans l'adaptation. Elles ouvrent également de nouvelles perspectives d'études sur les organismes non modèles. Grâce à la quantité très importante d'informations qu'elles procurent, elles permettent de travailler non plus sur un gène, mais sur des familles multigéniques. C'est pourquoi, nous avons choisi d'utiliser les HTS afin d'étudier l'adaptation des insectes à un nouvel environnement anthropisé en nous focalisant plus particulièrement sur le système chimiosensoriel. En effet, celui-ci permet aux hexapodes d'interagir avec leur environnement. Ainsi, des modifications dans ce système peuvent entraîner des modifications dans la perception du milieu, et donc contribuer à des modifications comportementales, favorisant ainsi l'adaptation de l'insecte à un nouvel environnement. Des connaissances plus approfondies de ce système pourraient conduire au développement de nouvelles méthodes de lutte contre les insectes ravageurs ou vecteurs. Ainsi, les transcriptomes de populations sauvages et anthropisées de la noctuelle foreuse des graminées *Sesamia nonagrioides* et de deux espèces de *Triatominae*, punaises vectrices de la maladie de Chagas, ont été séquencés et assemblés. Les gènes chimiosensoriels (Odorant Binding Proteins, Chemosensory proteins, Odorant Receptors) ont été recherchés dans ces transcriptomes et analysés.

Financement ANR projet Adaphthantrop et *allocation de thèse IDEX Paris Saclay

La modélisation individu-centrée pour représenter l'impact des changements d'usage du sol sur la structuration génétique des populations d'insectes.

François Rebaudo^{1,2}, Arnaud Le Rouzic², Stéphane Dupas^{1,2}, Jean-François Silvain^{1,2}, Myriam Harry^{2,3} and Olivier Dangles^{1,2,4}

¹BEI-IRD-UR072, Gif-sur-Yvette ; ²LEGS-CNRS-UPR9034, ³Université Paris-Sud, Orsay ; ⁴Facultad de Ciencias Naturales y Biológicas, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito, Ecuador

Les modèles de simulation sont des outils essentiels en génétique du paysage pour étudier l'effet de l'hétérogénéité du paysage sur la structuration génétique des populations. Dans un environnement soumis à des modifications de l'usage du sol par les humains, les approches classiques de modélisation en génétique des populations peuvent se confronter à des limites pour représenter la complexité des systèmes socio-écologiques. Une alternative est le développement de modèles individus-centrés. Dans ces derniers, les individus sont représentés de manière discrète, sous la forme d'entités autonomes en interaction entre-elles et avec l'environnement. Cela permet de prendre en compte le paysage de manière explicite, mais aussi de représenter la variabilité phénotypique des individus. Nous avons développé un modèle individu-centré générique de génétique du paysage, adapté à l'étude de la structuration des populations d'insectes. Son originalité est d'être couplé avec un modèle de changement de l'usage du sol, permettant le développement de simulations réalistes. Chaque individu possède sa propre capacité à se disperser, et sa propre fitness, conditionnées par l'environnement dans lequel il se trouve. A travers ce développement, l'objectif est de faciliter notre compréhension de la génétique du paysage, tant théoriquement qu'empiriquement. Il représente ainsi un outil prometteur pour les scientifiques désireux d'explorer la complexité des systèmes socio-écologiques.

Financement ANR projet Adaphthantrop

Adaptation des champignons phytopathogènes aux pressions anthropiques en lien avec l'émergence de maladies des plantes

Pascal Frey¹, Katherine J. Hayden, Constance Xhaard, Fabien Halkett

¹INRA, Université de Lorraine, UMR 1136 « Interactions Arbres – Microorganismes », F-54280 Champenoux.

L'émergence de maladies des plantes peut avoir un impact très fort en terme de pertes économiques ou de menaces pour la conservation de la biodiversité. On peut distinguer au moins quatre causes majeures d'émergence de maladies des plantes : (i) la modification de la population hôte, qui devient plus sensible à la maladie, du fait par exemple de la plantation d'une nouvelle espèce ou d'une nouvelle variété de plante ; (ii) la modification de la population pathogène par évolution d'une espèce indigène ; (iii) la modification de la population pathogène par introduction d'une espèce exotique ; (iv) la modification de l'environnement, en particulier du climat. Je m'intéresserai ici principalement aux causes (i) et (ii), qui sont intrinsèquement liées, avec pour modèle biologique la rouille du peuplier.

La rouille du peuplier, causée par le champignon basidiomycète *Melampsora larici-populina*, constitue la principale contrainte phytosanitaire en populiculture. Nous avons montré récemment que le déploiement massif d'un gène de résistance qualitative dans le compartiment cultivé peut modifier la structure génétique des populations de l'agent pathogène, dans le compartiment cultivé, mais aussi dans le compartiment sauvage de la plante hôte (Xhaard et al, 2011 Mol Ecol). L'originalité du pathosystème peuplier – rouille pour ce type d'étude est liée à la pérennité de la plante hôte, donc à la stabilité du paysage populicole, qui assure une pression de sélection soutenue dans le temps. C'est pourquoi, nous avons développé une approche d'épidémiologie du paysage afin (i) de mettre en évidence l'adaptation des populations de *M. larici-populina* aux cultivars majoritaires dans le paysage populicole français et (ii) de déterminer l'échelle géographique et temporelle à laquelle s'opère la sélection par la plante-hôte. Le paysage populicole a été décrit à l'échelle des régions françaises par la fréquence relative des cultivars portant les différentes résistances. Ces données ont été comparées à la structure génétique des populations de *M. larici-populina* collectées dans ces mêmes régions. Cette démarche nous permet de tester l'hypothèse de la structuration des populations du parasite par l'hôte et de l'adaptation aux cultivars majoritaires. Ces résultats peuvent avoir des retombées appliquées en matière d'orientation des stratégies de sélection pour des résistances durables et en matière de gestion spatio-temporelle des résistances.

Comprendre l'adaptation à la température chez un champignon pathogène du blé par une approche en génomique environnementale

M. Bouzid Elkhessairi et Genissel A.

BIOGER, 78850 Thiverval Grignon

Dans un contexte de changement global, il est fondamental de comprendre comment les espèces dans nos agroécosystèmes peuvent s'adapter aux changements de l'environnement. Nous nous intéressons à l'adaptation à la température d'un champignon pathogène du blé, *Mycosphaerella graminicola*. Les champignons pathogènes de plante présentent une forte capacité d'adaptation à leur plante hôte et leur environnement. Nous sommes intéressés de comprendre la nature des variants moléculaires associés au développement des champignons, caractère complexe qui joue un rôle clef dans le cycle biologique de l'espèce, en réponse à des changements de température. Nous faisons l'hypothèse que la plasticité phénotypique joue un rôle dans l'adaptation face aux changements environnementaux tels que des variations de température. Le niveau de plasticité phénotypique d'échantillons de populations naturelles issues du nord et du sud de la France est mesuré et nous disposons de séquences de génomes entiers de ces individus. L'objectif est de (1) disséquer la base moléculaire de la plasticité phénotypique par des approches de GWA (2) et de chercher s'il existe des signatures de sélection à l'échelle du génome en lien avec le cline latitudinal nord sud. Des résultats de croissance *in vitro* et les premières analyses de données NGS seront présentés.

Adaptation des amylases animales: implication d'une boucle "flexible"

J-L Da Lage, M. Bonneau, G. Claisse, C. Commin

LEGS, UPR 9034 CNRS-91198 Gif cedex

Les animaux sont presque tous dotés, dans leur arsenal digestif, d'une enzyme capable de digérer l'amidon et les polysaccharides apparentés, l'alpha-amylase. Cette enzyme est en prise directe avec les nutriments, voire le milieu extérieur. Elle est donc potentiellement soumise à une sélection liée aux conditions externes et à la nature des nutriments et de composants potentiellement inhibiteurs. Nous cherchons ici à évaluer l'implication adaptative d'une boucle dite "flexible" présente à proximité du site actif. Cette boucle a été perdue plusieurs fois chez les insectes, alors qu'elle est toujours présente chez les vertébrés, qui ont une histoire évolutive plus longue. Deux hypothèses sont en concurrence: la perte de la boucle est adaptative, par exemple pour rendre inefficaces les inhibiteurs rencontrés dans la nourriture; ou bien, la perte est à peu près neutre chez les insectes, sans impact sur la fonctionnalité de l'enzyme, mais est délétère chez les vertébrés, empêchant qu'une délétion de cette boucle puisse se fixer.

Financement ANR projet Adaphthantrop

Le rôle des transferts horizontaux dans l'adaptation des *Penicillium* du fromage

Branca A.¹, Ropars J.¹, Rodriguez de la Vega R.¹, Lopez-Villavicencio M.², Gouzy J.³, Sallet E.³, Malagnac F.⁴, Silar P.⁴, Debuchy R.⁴, Dupont J.², Giraud T.¹

¹University Paris-Sud/CNRS, Laboratory ESE, Orsay ²Natural History Museum, Origin, structure and Evolution of Biodiversity, Paris ³INRA/CNRS, LIPM, Toulouse ⁴University Paris-Sud/CNRS, IGM, Orsay

Si l'impact des transferts de gènes horizontaux (HGTs) chez les bactéries est bien étudié, leur importance pour l'adaptation des champignons filamenteux à leur milieu reste encore à définir. À l'aide de méthodes de génomique comparative, nous avons récemment mise à jour la présence d'îlots génomiques se transférant entre les champignons du genre *Penicillium* isolés de l'environnement agroalimentaire. Ces îlots génomiques montrent une similitude génétique proche de l'identité entre les différentes espèces. De plus, ces HGTs contiennent des gènes pouvant être liés à la domestication des espèces *Penicillium roqueforti* et *Penicillium camemberti* pour la production de fromage. Des criblages phénotypiques semblent confirmer les observations génomiques.

Liste des participants

NOM	Prénom	Affiliation	Email
BANCAL	Marie-Odile	AgroParisTech, UMR INRA EGC	mobancal@grignon.inra.fr
BOURRET	Jérôme	CNRS, LEGS	bourret.jerome@gmail.com
BRANCA	Antoine	UPSud, CNRS, LEGS	antoine.branca@u-psud.fr
CAMBOU	Elie	CNRS, LEGS	elie.cambou@gmail.com
CAPY	Pierre	Upsud, CNRS, LEGS	pierre.capy@legs.cnrs-gif.fr
CARTON	Yves	LEGS, CNRS	yves.carton@legs.cnrs-gif.fr
CASANE	Didier	Univ Paris Diderot, CNRS, LEGS	didier.casane@legs.cnrs-gif.fr
CASTRIC	Vincent	UMR CNRS 8198, Univ Lille 1	Vincent.Castric@univ-lille1.fr
CHANTRE	Céline	CNRS, LEGS	celina.chantre@legs.cnrs-gif.fr
DA LAGE	Jean-Luc	CNRS, LEGS	jean-luc.da-lage@legs.cnrs-gif.fr
DALET	Marie-Laure	CNRS, LEGS	mariel.da@hotmail.fr
DELANNOY	Etienne	URGV, INRA	delannoy@evry.inra.fr
DUPAS	Stéphane	IRD, DEEIT / LEGS, CNRS	stephane.dupas@ird.fr
FILEE	Jonathan	CNRS, LEGS	jonathan.filee@legs.cnrs-gif.fr
FREY	Pascal	UMR 1136, INRA, Univ Lorraine	frey@nancy.inra.fr
FUMEY	Julien	CNRS, LEGS, UPSud	julien.fumey@legs.cnrs-gif.fr
GENISSEL	Anne	INRA, Bioger	anne.genissel@versailles.inra.fr
GERARD	Pierre	CNRS, LEGS	pierre.gerard@legs.cnrs-gif.fr
GIRAUD	Tatiana	UPSud, ESE	tatiana.giraud@u-psud.fr
HARRY	Myriam	UPSud, CNRS, LEGS	myriam.harry@u-psud.fr
JOETS	Johann	INRA	joets@moulon.inra.fr
JOLY	Dominique	CNRS, LEGS	Dominique.Joly@legs.cnrs-gif.fr
KAISER	Laure	URO72 IRD/LEGS CNRS	laure.kaiser-arnaud@legs.cnrs-gif.fr
KERDELHUE	Carole	INRA, CBGP, Montpellier	kerdelhue@supagro.inra.fr
LEBRUN	Marc-Henri	INRA, Bioger	marc-henri.lebrun@versailles.inra.fr
LEGENDRE	Frédéric	MNHN, Paris	legendre@mnhn.fr
MARCEL	Thierry	INRA, Bioger-CPP	thierry.marcel@versailles.inra.fr
MARCHANT	Axelle	UPSud, CNRS, LEGS	Axelle.Marchant@legs.cnrs-gif.fr
MARTIN	Olivier	INRA	olivier.martin@moulon.inra.fr
MARTIN-MAGNIETTE	Marie-laure	INRA, URGV, AgoParisTech	mlmartin@agroparistech.fr
MERLOT	sylvain	CNRS, ISV	sylvain.merlot@isv.cnrs-gif.fr
MONTCHAMP-MOREAU	Catherine	CNRS, LEGS	catherine.montchamp@legs.cnrs-gif.fr
MOUGEL-IMBERT	Florence	UPSud, CNRS, LEGS	mougel@legs.cnrs-gif.fr
MOUILLE	Gregory	INRA IJBP	Gregory.Mouille@versailles.inra.fr
PETIT	Elsa	UPSud, CNRS, LEGS	elsa.petit@u-psud.fr
REBAUDO	François	IRD, DEEIT / LEGS, CNRS	francois.rebaudo@ird.fr
SIGNON	Laurence	CNRS, LEGS	laurence.signon@legs.cnrs-gif.fr
SILVAIN	Jean-François	IRD, DEEIT / LEGS, CNRS	Jean-Francois.Silvain@legs.cnrs-gif.fr
TAKVORIAN	Najat	UMR 8079, ESE, Paris Sud	najat.takvorian@u-psud.fr