



## STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE

### Rentrée 2016

---

## Origine et conséquence de l'asexualité dans les symbioses insectes-*Wolbachia*

Université Claude Bernard Lyon 1

Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR CNRS 5558

Encadrants : Fabrice Vavre ([fabrice.vavre@univ-lyon1.fr](mailto:fabrice.vavre@univ-lyon1.fr)) et Natacha Kremer ([natacha.kremer@univ-lyon1.fr](mailto:natacha.kremer@univ-lyon1.fr))

### Contexte et objectifs :

*Wolbachia* est une bactérie intracellulaire à transmission maternelle infectant de nombreux arthropodes. La particularité de cette bactérie est sa capacité à manipuler la reproduction de ses hôtes à son propre avantage. Parmi ces manipulations, une des plus spectaculaires est sa capacité à induire de la parthénogenèse thélytoque chez les espèces haplo-diploïdes comme les hyménoptères. Chez les espèces non infectées, les mâles sont haploïdes et issus d'œufs non fécondés alors que les femelles sont diploïdes et issues d'œufs fertilisés. Dans les espèces infectées, la bactérie est capable de restaurer la diploïdie des œufs non fécondés qui se développent alors en femelles. Des femelles vierges auront donc une descendance composée entièrement de femelles. Cette manipulation transforme ainsi le sexe non transmetteur (mâles) en sexe transmetteur (femelle), ce qui permet à la bactérie d'envahir rapidement les populations. L'infection par ce type de *Wolbachia* a des conséquences importantes sur le régime de reproduction des espèces infectées. En particulier, dans quasiment toutes ces espèces, *Wolbachia* est à l'origine de la mise en place d'une reproduction asexuée.

Si dans la plupart des espèces *Wolbachia* est fixée (*i.e.*, tous les individus sont infectés), il existe quelques cas où co-existent des populations infectées et non infectées par la bactérie. C'est le cas notamment de l'hyménoptère *Asobara japonica*, que nous étudions au laboratoire. Cette situation a permis de mettre en évidence que la perte de la sexualité peut évoluer très rapidement, et qu'elle survient plus rapidement chez les femelles que chez les mâles. Ainsi, chez *A. japonica*, les femelles infectées sont incapables d'induire le comportement de cour des mâles, en raison probablement d'une altération de la synthèse de phéromones sexuelles. Plusieurs hypothèses ont été formulées pour expliquer ce phénomène, mais elles impliquent toutes que la perte de la sexualité chez les femelles a été sélectionnée.

L'objectif du stage sera double : il s'agira d'une part de comprendre les mécanismes à l'origine de l'asexualité chez les femelles, et d'autre part de déterminer les conséquences de la perte de la sexualité sur l'évolution du génome. On s'attend en effet à ce que ce phénomène se traduise par une accumulation de mutations faiblement délétères sous l'action du cliquet de Müller, ainsi qu'à une accumulation de copie d'éléments transposables.

### Méthodologie :

Pour atteindre ces objectifs, nous disposons de données transcriptomiques obtenues sur quatre populations (deux sexuées (infectées par *Wolbachia*) et deux asexuées (non infectées)), et sur différents types d'individus (mâles, femelles vierges ou fécondées pour les populations sexuées ; femelles pour les populations asexuées).

L'analyse de ces données transcriptomiques devrait permettre :

- de déterminer quels gènes sont potentiellement impliqués dans la perte de la sexualité (*e.g.*, synthèse de phéromones sexuelles chez les femelles), en comparant l'expression des gènes entre ces différentes catégories d'individus (DEseq) et en analysant la fonction de ces gènes (Gene Ontology).
- d'analyser les conséquences de cette asexualité récente sur l'évolution du génome, notamment grâce à la comparaison avec d'autres données transcriptomiques disponibles chez une espèce proche, *Asobara tabida*. Après reconstruction des familles d'orthologues, les SNPs seront recherchés, leur impact fonctionnel déterminé (KisSplice), et le patron d'évolution des orthologues analysé (*e.g.*, calcul du dN/dS). Une attention particulière sera portée aux gènes candidats identifiés par l'approche de transcriptomique comparative.

### Compétences requises :

Le/la candidat/e devra maîtriser les concepts de génétique et génomique évolutive. Il/elle devra maîtriser les outils de bioinformatique appliquée au traitement de données transcriptomiques, et être capable d'analyser des jeux de données de grande dimension.

### Quelques publications du laboratoire :

- \*N. Kremer, D. Charif, H. Henri, M. Bataille, G. Prévost, K. Kraaijeveld, and F. Vavre, 2009. A new case of *Wolbachia* dependence in the genus *Asobara*: evidence for parthenogenesis induction in *Asobara japonica*, ***Heredity***, 103(3): 248–256.
- \*N. Kremer, D. Charif, H. Henri, F. Gavory, P. Wincker, P. Mavingui, and F. Vavre, 2012. Influence of *Wolbachia* on host gene expression in an obligatory symbiosis, ***BMC Microbiol.***, 12 (1): S7.
- \*R. Stouthamer, J. E. Russell, F. Vavre, and L. Nunney, 2010. Intragenomic conflict in populations infected by Parthenogenesis Inducing *Wolbachia* ends with irreversible loss of sexual reproduction," ***BMC Evol Biol***, 10: 229.
- \*F. Vavre and N. Kremer, 2014. Microbial impacts on insect evolutionary diversification: From patterns to mechanisms. ***Curr. Opin. Insect Sci.***, vol. 4:29–34.
- \*J. Ferrari and F. Vavre, 2011. Bacterial symbionts in insects or the story of communities affecting communities. ***Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.***, 366(1569):1389–400.