



STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE

Rentrée 2017

Domestication de gènes viraux chez les guêpes parasitoïdes

Université Claude Bernard Lyon 1

Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR CNRS 5558 Villeurbanne

Encadrant : Julien Varaldi (julien.varaldi@univ-lyon1.fr)

Contexte :

Les virus sont ubiquitaires et se transmettent globalement par transmission horizontale. De cette manière et à travers leur virulence, les virus ont incontestablement façonné l'évolution de leurs hôtes. Cependant, dans un certain nombre de cas, les virus ont pu également intégrer les chromosomes de leurs hôtes dans un processus connu sous le terme d'endogénéisation. L'explosion récente des programmes de séquençage de génome a révélé la fréquence de ces phénomènes d'endogénéisation virale. Toutes sortes de virus peuvent avoir été endogénisés, que l'intégration dans les chromosomes de leur hôte fasse partie ou non de leur cycle de vie naturelle (comme c'est le cas des rétrovirus). Parfois des génomes viraux entiers sont intégrés dans les chromosomes de leurs hôtes. Le devenir de ces éléments viraux endogénisés (EVE) est probablement de dégénérer puisqu'ils n'apportent vraisemblablement pas d'avantage à ceux qui les portent. Néanmoins, plusieurs exemples nous montrent que ces EVEs ont permis, dans un certain nombre de cas, des innovations génétiques majeures chez les eukaryotes. C'est par exemple le cas de l'invention du **placenta** chez les mammifères placentaires qui a été rendu possible grâce à l'intégration de gènes d'origine rétrovirale dans cette lignée. Un autre exemple bien documenté concerne les guêpes parasitoïdes. Ces guêpes déposent leurs oeufs dans le corps d'autres arthropodes, et se développent à leur dépend. Au sein de son hôte la guêpe parasitoïde est exposée au système immunitaire de son hôte. Certaines guêpes ont domestiqué des gènes viraux qui leur permettent d'injecter de l'ADN codant pour des facteurs de virulence dans leur hôte, à travers la production de particules d'allure virale (**polydnavirus**). L'expression de ces facteurs de virulence dans l'hôte de la guêpe permet à la guêpe de contourner son système immunitaire (voir figure). Aujourd'hui plus de 17500 espèces de guêpes sont dépendantes de ce virus pour leur développement. Néanmoins la relation entre l'ancêtre de ces guêpes et l'ancêtre viral reste inconnue. Dans notre laboratoire, nous avons découvert un cas d'interaction très spéciale entre un virus, nommé LbFV, et la guêpe parasitoïde *Leptopilina bouvardi*. Dans ce système, le virus (libre) transmis verticalement à travers la lignée maternelle, même s'il ne s'intègre pas dans les chromosomes. En plus de la transmission verticale, le virus bénéficie d'une transmission horizontale lorsqu'un hôte est partagé par des parasitoïdes infectés et non infectés par le virus (situation dite de *superparasitisme*). Etonnamment, le virus est capable de forcer les femelles parasitoïdes à déposer leurs oeufs dans des hôtes déjà parasités, ce qui favorise sa transmission horizontale. Le virus manipule donc le comportement de la guêpe à son propre intérêt. Nous avons récemment séquencé le génome de cette guêpe, ainsi que de 3 autres espèces proches par technologie Illumina. De manière surprenante, l'analyse préliminaire des génomes a révélé que les parasitoïdes du genre *Leptopilina* partagent 13 gènes d'origine virale dans leurs chromosomes. Ces gènes sont clairement apparentés au virus LbFV qui infecte actuellement les guêpes *Leptopilina bouvardi*. Un seul événement d'intégration du génome viral dans le génome de la guêpe aurait donc eu lieu avant la radiation du genre *Leptopilina*. Ces insertions virales sont très conservées entre les espèces du genre ce qui suggère qu'elles jouent un rôle essentiel dans la reproduction de ces organismes.

Description du travail proposé :

L'étudiant pourra aborder, *selon ses motivations*, l'une ou l'autre des questions suivantes : - Les intégrations virales sont-elles fréquentes et quelle diversité de virus endogènes retrouvons-nous dans les génomes de *Leptopilina* ? Par une approche bioinformatique, la présence de ces EVEs (au-delà de celles déjà identifiées) dans les génomes des *Leptopilina* sera recherchée de manière systématique. Par la génomique comparative nous testerons leur degré de conservation évolutive et donc leur « importance » dans le phénotype des guêpes. - Quel est l'impact de ces insertions virales sur le phénotype des guêpes et quel rôle ces insertions ont joué dans la diversification de ce groupe ? En particulier, nous silencerons (à travers l'utilisation de RNAi ou du système Crispr/Cas9) certains de ces gènes de manière à tester leur impact sur différents aspects du phénotype de la guêpe *Leptopilina boulardi*. Le projet pourra se poursuivre en thèse par l'investigation sans a priori des EVEs dans différents génomes d'hyménoptères parasitoïdes ou non (programme de séquençage en cours), pour tester l'idée selon laquelle ce phénomène serait particulièrement fréquent chez les parasitoïdes.

Publications du laboratoire :

1. Martinez, J., Duploux, A., Woolfit, M., Vavre, F., O'Neill, S.L. & Varaldi, J. (2012). Influence of the Virus LbFV and of Wolbachia in a Host-Parasitoid Interaction. *PLoS ONE*, 7, e35081.
2. Patot, S., Allemand, R., Fleury, F. & Varaldi, J. (2012). An inherited virus influences the coexistence of parasitoid species through behaviour manipulation. *Ecol Lett*, 15, 603-10.
3. Patot, S., Martinez, J., Allemand, R., Gandon, S., Varaldi, J. & Fleury, F. (2010). Prevalence of a virus inducing behavioural manipulation near species range border. *Mol Ecol*, 19, 2995–3007.
4. Gandon, S., Rivero, A. & Varaldi, J. (2006). Superparasitism evolution: Adaptation or manipulation? *Am Nat*, 167, E1–E22.
5. Varaldi, J., Fouillet, P., Ravallec, M., Lopez-Ferber, M., Boulétreau, M. & Fleury, F. (2003). Infectious behavior in a parasitoid. *Science*, 302, 1930.