

STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE Rentrée 2017

Analyse de la réponse des insectes aux changements climatiques et agricoles par des approches de génétique des populations

UMR 1349 INRA/Agrocampus Ouest/Université Rennes (35) Le Rheu

(possibilité d'hébergement en cité étudiante à l'agro de Rennes (Agrocampus ouest, site de Rennes))

Encadrants : Jean-Christophe SIMON (<jean-christophe.simon@inra.fr>), Julie JAQUIERY

Contexte : Dans un contexte de changements globaux, incluant des modifications climatiques et d'habitats, les insectes sont susceptibles de développer des réponses rapides dans la distribution, la dynamique et la phénologie de leurs populations. Certaines de ces réponses ont d'ores et déjà été mises en évidence mais la composante génétique de ces évolutions n'est bien souvent pas clairement établie. Durant ce stage, l'étudiant(e) analysera l'évolution des populations du puceron du pois, *Acyrtosiphon pisum* en réponse aux changements climatiques et agricoles observés ces 20 dernières années. Pour ce faire, il participera au génotypage des individus piégés depuis 2000 et jusqu'à nos jours à l'aide de marqueurs moléculaires et réalisera l'analyse statistique de ces données et de leurs relations avec des données climatiques et agricoles obtenues sur la même période. Le puceron du pois présente une variation du mode de reproduction, avec des lignées passant l'hiver sous forme parthénogénétique (sensible au froid) et d'autres sous forme d'œufs (résistant au froid). Le climat hivernal exerce donc une pression de sélection qui détermine localement le mode de reproduction des populations. Notre équipe a récemment identifié la région génomique qui contrôle cette variation et développé des marqueurs liés permettant de caractériser le phénotype reproducteur des pucerons. Par ailleurs, le puceron du pois se caractérise par un complexe de races d'hôte, chacune spécialisée sur une ou quelques espèces de légumineuses (Fabacées) et distinctes génétiquement les unes des autres. L'analyse du génotype des pucerons à l'aide de marqueurs neutres et liés au mode de reproduction permettra donc d'inférer pour un même individu son phénotype reproducteur et son appartenance à une race d'hôte. L'évolution des fréquences des variants reproducteurs et des races d'hôtes ainsi inférées sur les pucerons capturés ces 20 dernières années seront mises en relation avec les données climatiques et d'usage des terres (surfaces cultivées en légumineuses) déjà recueillies par l'équipe d'accueil.

Ce sujet de stage entre dans le cadre du projet Feder Prograilive et du projet ANR Sexaphid récemment accepté.

Profil requis : étudiant intéressé par la biologie évolutive et la génétique des populations. Intérêt pour les techniques d'écologie moléculaire et les statistiques.

Bibliographie associée

Jaquiéry J., Stoeckel S., Larose C., Nouhaud P., Rispe C., Mieuze L., Bonhomme J., Mahéo F., Legeai F., Gauthier JP., Prunier-Leterme N., Tagu D. & Simon JC. (2014) Genetic control of contagious asexuality in the pea aphid. PLoS Genetics 10(12):e1004838.

Nouhaud P., Peccoud J., Mahéo F., Mieuze L., Jaquiéry J. & Simon J.C. (2014). Genomic regions repeatedly involved in divergence among plant-specialized pea aphid biotypes. Journal of Evolutionary Biology, 27: 2013-2020.

Jaquiéry J., Stoeckel S., Nouhaud P., Mieuze L., Mahéo F., Legeai F., Bernard N., Bonvoisin A., Vitalis R. and Simon J-C. (2012) Genome scans reveal candidate regions involved in the adaptation to host plant in the pea aphid complex. Molecular Ecology 21:5251-5264.

Peccoud J., Ollivier A., Plantegenest M. & Simon J.C. (2009). A continuum of genetic divergence from sympatric host races to species in the pea aphid complex. Proceedings of the National Academy of Sciences 106(18):7495-7500.