



STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE

Rentrée 2018

Génomique et transcriptomique comparative des punaises de lit : vers l'identification des déterminants de la résistance aux insecticides

Université Claude Bernard Lyon 1

Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR CNRS 5558 Villeurbanne

Encadrants : Julien Varaldi (julien.varaldi@univ-lyon1.fr), Hélène Henri

Romain Lasseur (IZINOVATION)

Contexte

L'homme a depuis toujours été associé à un cortège de parasites. Au sein de ce cortège, on retrouve la punaise de lit *Cimex lectularius*. Cet insecte appartenant à l'ordre des hémiptères se nourrit exclusivement de sang, qu'il prélève sur son hôte pendant son sommeil. Bien qu'il ne soit pas vecteur de maladie, les désagréments causés par ses piqûres sont importants, tant du point de vue physique (induction de boutons et de démangeaisons intenses), que psychologique (symptômes d'anxiétés, paranoïa, trouble du sommeil, Davies et al. 2012).

L'association à l'homme date vraisemblablement de plusieurs millénaires, mais on pense que les punaises de lit ont réellement proliférées au XIXème puis au XXème siècle suite à l'urbanisation et à l'augmentation des échanges commerciaux planétaires. Cette progression s'est subitement arrêtée suite au développement et à l'utilisation massive des insecticides au cours du XXème siècle, en particulier en raison de l'utilisation massive du DDT à partir de la seconde guerre mondiale. Néanmoins, depuis les années 1990, on assiste à une résurgence de punaises de lit aux Etats-Unis, en Europe, en Asie, en Afrique et en Australie. Cette résurgence s'explique par différents facteurs, le premier d'entre eux étant sans aucun doute l'évolution de phénomènes de résistance aux insecticides, déjà très largement répandues dans les populations naturelles (Davies et al. 2012). Par des approches de RNAseq, des gènes candidats particulièrement exprimés chez les souches résistantes ont été identifiés, suggérant ainsi leur implication dans le phénomène de résistance (ex : *P450*, *Esterases*, Dang et al. 2017). Par ailleurs, des gènes connus pour être impliqués dans la résistance aux insecticides dans d'autres espèces montrent des différences alléliques corrélant avec le phénotype de résistance (ex : mutations sur le gène *kdr*, Dang et al. 2017). Cependant, aucune étude de génomique comparative entre souches sensibles et résistantes n'a été entreprise jusque-là. L'objectif du stage de M2 est de combler ce manque, ce qui devrait permettre d'identifier, sans a priori, les loci impliqués dans ce phénomène de résistance. Pour atteindre cet objectif, nous avons entrepris le séquençage du génome complet de 4 souches de punaises de lit, 2 d'entre elles étant résistantes et les deux autres étant sensibles aux insecticides. En s'appuyant sur les deux génomes complets disponibles publiquement (Benoit et al. 2016, Rosenfeld et al. 2016), il sera alors possible d'identifier des régions du génome présentant un patron de différenciation particulièrement marqué entre les souches sensibles et résistantes. L'étudiant analysera ces données de pool-seq (mélange d'individus) qui seront disponibles en début de stage. En parallèle, l'étudiant générera des données de RNAseq sur ces 4 lignées, soumises ou non à un traitement insecticide. Cette expérience permettra d'identifier des gènes induits par le traitement insecticide, ce qui constituera un indice supplémentaire de leur implication dans la résistance.

Objectifs du stage

Le travail sera donc principalement bioinformatique, même si des extractions d'ARN sont à prévoir afin de générer les données de RNAseq (la construction des bibliothèques et le séquençage seront externalisés).

Bibliographie associée

Benoit, J.B., Adelman, Z.N., Reinhardt, K., Dolan, A., Poelchau, M., Jennings, E.C., *et al.* (1AD). Unique features of a global human ectoparasite identified through sequencing of the bed bug genome. *Nature Communications*, 7, 1–10.

Dang, K., Doggett, S.L., Singham, G.V. & Lee, C.-Y. (2017). Insecticide resistance and resistance mechanisms in bed bugs, *Cimex* spp. (Hemiptera: Cimicidae), 1–31.

DAVIES, T.G.E., Field, L.M. & WILLIAMSON, M.S. (2012). The re-emergence of the bed bug as a nuisance pest: implications of resistance to the pyrethroid insecticides. *Med Vet Entomol*, 26, 241–254.

Rosenfeld, J.A., Reeves, D., Brugler, M.R., Narechania, A., Simon, S., Durrett, R., *et al.* (1AD). Genome assembly and geospatial phylogenomics of the bed bug *Cimex lectularius*. *Nature Communications*, 7, 1–10.