

Virus et manipulation comportementale dans les systèmes hôtes/parasitoïdes : vers une nouvelle famille de virus ?

Les organismes sont confrontés à de nombreuses infections virales au cours de leur vie. Bien qu'ils soient mieux connus pour leurs effets pathogènes, un certain nombre d'entre eux, sous étudiés, révèlent des effets plus subtils. Certains sont de plus transmis au fil des générations et peuvent contribuer à la variance phénotypique héritable. Nous avons découvert un tel virus chez une guêpe parasitoïde. Son effet principal est de manipuler le comportement de ponte de la guêpe, favorisant ainsi sa transmission horizontale (Varaldi *et al.*, 2003). Bien qu'apparenté aux Hytrosaviridae et autres virus à ADN double brin circulaire infectant les arthropodes (nuclear-arthropod large DNA viruses, NALDVs), ce virus nommé LbFV pour *Leptopilina bouvardi* Filamentous Virus, semble être un représentant d'une nouvelle famille virale (Lepetit *et al.*, 2016). De plus, des analyses génomiques ont montré que les guêpes parasitoïdes infectées par ce virus ont intégré dans leur ADN, il y a plusieurs millions d'années, une batterie de 13 gènes viraux. Ces gènes d'origine virale sont aujourd'hui nécessaire au bon développement de la progéniture de la guêpe car ils permettent aux femelles parasitoïdes d'adresser des facteurs de virulence aux cellules immunitaires de leur hôte (la larve de drosophile en l'occurrence, Giovanni *et al.*, 2020).

Par des approches de métagénomique, nous avons identifié un virus apparenté à LbFV dans la communauté de parasitoïdes. Ce virus infecte la guêpe *L. heterotoma*, une espèce cousine de *L. bouvardi* (l'espèce infectée par LbFV). Nous avons obtenu son génome par séquençage et avons maintenant collecté des lignées de la guêpe *L. heterotoma* infectée ou non par ce nouveau virus. Ces lignées sont disponibles au laboratoire.

Afin d'améliorer notre connaissance de ce nouveau clade de virus, l'objectif du stage sera de:

1. Construire une phylogénie incluant les deux représentants de cette nouvelle famille virale, ainsi que les séquences endogénisées dans les génomes des parasitoïdes.
2. Déterminer les modes de transmission de ce nouveau virus (vertical / horizontal). En particulier, nous nous interrogeons sur le fait que le virus bénéficie, comme LbFV d'une transmission horizontale en cas de superparasitisme (ponte de plusieurs femelles dans le même hôte).
3. Déterminer les effets phénotypiques associés à l'infection virale: en particulier, nous nous demandons si ce nouveau virus manipule le comportement de superparasitisme, comme le fait LbFV sur *L. bouvardi*. C'est en effet l'élément clé de la manipulation comportementale dans le système LbFV/*L. bouvardi* (Gandon *et al.*, 2006).
4. réfléchir à la pertinence de définir une nouvelle famille de virus sur la base, notamment, des résultats obtenus.

Laboratoire d'accueil : LBBE Equipe Génétique et Evolution des Interactions (GEI)

Références

- Gandon, S., A. Rivero, and J. Varaldi (2006). Superparasitism evolution: Adaptation or manipulation? *The American naturalist* 167, E1–E22.
- Giovanni, D. D., D. Lepetit, B. Guinet, B. Bennetot, M. Boulesteix, Y. Couté, O. Bouchez, M. Ravallec, and J. Varaldi (2020). A Behavior-Manipulating Virus Relative as a Source of Adaptive Genes for *Drosophila* Parasitoids. *Molecular Biology and Evolution* 37(10). Ed. by H. Malik, pp. 2791–2807.
- Lepetit, D., B. Gillet, S. Hughes, K. Kraaijeveld, and J. Varaldi (2016). Genome sequencing of the behavior Manipulating virus LbFV reveals a possible new virus family. *Genome biology and evolution* 8(12), pp. 3718–3739.
- Varaldi, J., P. Fouillet, M. Ravallec, M. Lopez-Ferber, M. Boulétreau, and F. Fleury (2003). Infectious Behavior in a Parasitoid. *Science (New York, NY)* 302(5652), pp. 1930–1930.