



HAL
open science

Réurrence interannuelle d'un champignon parasite obligatoire d'une culture annuelle

Ivan I. Sache, Julie J. Berder, Vincent V. Garreta, Henriette H. Goyeau, J. J.
Moinard, Samuel S. Soubeyrand, Frederic F. Suffert

► **To cite this version:**

Ivan I. Sache, Julie J. Berder, Vincent V. Garreta, Henriette H. Goyeau, J. J. Moinard, et al.. Récur-
rence interannuelle d'un champignon parasite obligatoire d'une culture annuelle. 8ème Conférence du
REID,, Feb 2013, Bordeaux, France. p.8. hal-01004713

HAL Id: hal-01004713

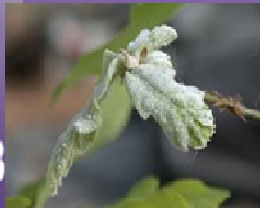
<https://hal.science/hal-01004713v1>

Submitted on 6 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

#8 REID
Bordeaux /
4-6 février 2013



Programme détaillé

Résumés des communications

Liste des participants

Lundi 4 février 2013 : Domaine Haut Carré, Talence

12h 00	Accueil	
12h30 :	Repas	12h30 :
14h – 15h50 :	Session : Adaptation à l'hôte et à l'environnement : animateurs : Ivan Sache & Audrey Andanson	
14h10 - 14h30	Les populations de <i>Mycosphaerella graminicola</i> s'adaptent-elles aux modifications saisonnières de leur environnement ?	Suffert F.
14h30 - 14h50	Adaptation d'une population d'AcMNPV à plusieurs espèces d'hôtes	Chateigner A.
14h50 - 15h10	Spécificité des interactions dans un système multi-hôte et multi-parasite.	Fellous S.
15h10 - 15h30	Quand une mouche des fruits Asiatique invasive (<i>Drosophila suzukii</i>) rencontre un cerisier Américain invasif en Europe (<i>Prunus serotina</i>)	Poyet M.
15h30 - 15h50	Modifications de la virulence et augmentation de l'agressivité des populations de <i>Plasmopara viticola</i> face à la résistance de la vigne	Rouxel M.
15h50 - 16h00	Compte-rendu du groupe Champignons	Delmotte F.
16h00	Pause café	16h00
16h30 - 16h40	Compte-rendu du groupe Tiques	Chevillon C.
16h40 - 18h20 :	Session : Epidémiologie, dynamique et distribution des populations : animatrice : Marie-Laure Desprez-Loustau	
16h40 – 17h	Réurrence interannuelle d'un champignon parasite obligatoire d'une culture annuelle	Sache I.
17h00 - 17h20	Estimation bayésienne du taux d'échantillonnage et de la taille de la population des tiques à l'affut récoltées par la méthode du drapeau	Bord S.
17h20 - 17h40	Epidémiologie prédictive de la flavescence dorée de la vigne	Foissac X.
17h40 – 18h0	Répartition mondiale potentielle d'une peste agricole importante	Meynard C.
18h20 - 18h40	Comportement de chasse de <i>Vespa velutina</i> sur <i>Apis mellifera</i>	Monceau K.
Mardi 5 : Château Luchey-Halde, Mérignac		
9h00 – 9h10	accueil	
9h10 – 12h10	Session : résistance, virulence, co-évolution : animatrice : Elisabeth Fournier	
9h00 - 9h20	Caractérisation des facteurs inducteurs de galles chez les guêpes galligènes	Cambier S.
9h20 - 10h00	Spécificité et mécanisme du transfert transgénérationnel d'immunité chez l'insecte <i>Tenebrio molitor</i> .	Dubuffet A.
9h40 - 10h20	Interactions G x G entre le moustique <i>Aedes aegypti</i> et les Flavivirus DENV-2: un rôle clef pour la voie RNAi via le gène Dicer2	Chevillon C.

10h20 – 10h50	Pause café	
10h50 - 11h10	Evolution of lettuce mosaic virus towards resistance-breaking in lettuce: involvement of the viral cylindrical inclusion.	Sorel M.
11h10 – 11h30	Recherche des gènes impliqués dans la résistance à la peste, chez le rat noir (<i>Rattus rattus</i>) à Madagascar.	Brouat C.
11h 30- 11h50	Contrôle et évolution des endosymbioses arthropodes-bactéries : évidence d'un syndrome symbiotique ?	Moné Y.
11h50 - 12h10	Hyménoptères endoparasitoïdes du genre <i>Asobara</i> : analyse comparative des facteurs de virulence.	Coulette Q.
12h10-12h20	Compte-rendu du groupe Evolution virale	Froissart R.
12h20	Repas	
14h00 – 16h00	Session traits d'histoire de vie : animateur : Simon Fellous	
14h00 - 14h20	Influence de <i>Wolbachia</i> sur le choix du partenaire sexuel et le succès reproducteur de son hôte.	Caubet Y.
14h20 - 14h40	Un modèle original de transmission verticale de microsporidies chez le nématode <i>Caenorhabditis elegans</i>	Dubuffet A.
14h40 – 15h00	Implication des mécanismes épigénétiques dans la vigueur hybride chez <i>Schistosoma mansoni</i>	Fneich S.
15h00 - 15h20	Passager de dernière minute, de première classe ou clandestin: un voyage de <i>Wolbachia</i> dans les ovaires d' <i>Armadillidium vulgare</i>	Genty L.
15200 - 15h40	Transferts horizontaux de <i>Wolbachia</i> chez <i>Porcellio dilatatus</i> : conséquences proximales et distales sur les traits de vie des partenaires.	Sicard M.
15h40 - 16h00	Hétérozygotie et système d'appariement chez l'isopode terrestre <i>Armadillidium vulgare</i>	Beltran S.
16h00 – 16h30	Pause café	
16h30 – 18h10	Session : Génomique des interactions : animateurs : Rémy Froissart & Charlotte Tollenaere	
16h30 - 16h50	Évolution des séquences bracovirales dans le génome des guêpes parasitoïdes	Drezen JM.
16h50 - 17h10	Effet de la vankyrine hd27-vank1 du polydnavirus hdiv sur la viabilité de l'hôte.	Darbox I.
17h30 - 17h50	First functional annotation of a polydnavirus: the expressed <i>Cotesia congregata</i> bracovirus explored.	Chevignon G.
17h50 – 18h10	Génomique des populations de bactéries du complexe <i>Borrelia burgdorferi sensu lato</i>	Gonnet M.
18h15	Visite des chais du château Luchey-Halde	
Mercredi 6 février : Domaine du Haut Carré, Talence		
8h50 – 9h00	Accueil	
9h00 – 13h00	Session : manipulation et interactions multiples	
9h00 - 9h20	La coccinelle "garde du corps"	Dheilly N.
9h20 - 9h40	Etude d'un phénotype-étendu: la phénologie du chêne en interaction avec l'oïdium	Dantec C.

9h40 - 10h00	Amibes libres et micro-organismes pathogènes.	Rodier MH
10h00 - 10h10	Bilan REID et perspectives	Vanlerberghe F.
10h10 - 10h40	Pause café	
10h40 – 13h00	Session : Génomique des interactions suite et fin : animateur David Duval & Richard Cordaux	
10h40 – 11h00	Vers l'identification des gènes féminisants de Wolbachia.	Badawi M.
11h00 – 11h20	A new immune effector in the mollusc <i>Biomphalaria glabrata</i> : Biomphalysin, the first characterized β -pore forming toxin from a lophotrochozoan with anti-schistosomal activity	Duval D.
11h20 – 11h40	Présentation du génome d' <i>Hamiltonella defensa</i> MEAM et génomique comparative.	Farnier P.A.
11h40 – 12h00	Evolution des génomes de champignons du clade <i>Magnaporthe oryzae</i> / <i>grisea</i> pathogènes de différentes plantes hôtes.	Fournier E.
12h00 – 12h20	Genome sequence of the feminizing Wolbachia wvulc from the isopod crustacean <i>Armadillidium vulgare</i>	Greve P.
12h20 – 12h40	Thioester containing proteins et homologues du système du complément chez les bivalves marins, diversité et rôle dans l'immunité.	Paillard C.
12h40 – 13h00	Analyse fonctionnelle des gènes différentiellement exprimés dans l'association Wolbachia – <i>Armadillidium vulgare</i> .	Bouchon D.
13h00 - 13h10	Clôture de la réunion	
13h10	Repas	

Les populations de *Mycosphaerella graminicola* s'adaptent-elles aux modifications saisonnières de leur environnement ?

Frédéric Suffert (1), Ivan Sache (1), Virginie Ravigné (2)

(1) INRA, UR BIOGER-CPP, Campus AgroParisTech, F-78850 Thiverval-Grignon,
(2) CIRAD, UMR BGPI, Campus International de Baillarguet, F-34398 Montpellier

Le champignon *Mycosphaerella graminicola* est responsable de la septoriose du blé, maladie foliaire très dommageable sur cette culture en Europe occidentale. Présente sur plante dès la fin de l'automne, les populations pathogènes subissent des variations de températures saisonnières, intra- et inter-annuelles, susceptibles de modifier les conditions de développement d'une épidémie et sa récurrence. L'objectif était de montrer qu'une population locale possède des facultés d'adaptation à ces variations. Pour cela, les composantes d'agressivité de deux populations de *M. graminicola* provenant d'une même parcelle de blé, l'une "d'automne" résultant de contaminations par des d'ascospores (collectée sur plantules au commencement d'une épidémie), l'autre dite "de printemps" résultant de contaminations par des pycnidiospores (collectée sur plantes adultes en fin d'épidémie), ont été comparées. Ces composantes ont été estimées en conditions "printanières" (sur plantes adultes, à 19°C), et en conditions "hivernales" (sur plantules, à 9°C). Les isolats de printemps se sont avérés plus adaptés aux conditions hivernales : ils ont provoqué, sur plantules, des lésions de plus grande taille et des densités de pycnides supérieures, lesquelles ont produit en moyenne davantage de spores, que les isolats d'automne. Ces différences, statistiquement significatives, ne se sont pas manifestées en conditions printanières sur plantes adultes ; les isolats de printemps ont en revanche exprimé une période de latence plus courte dans ces mêmes conditions. Ces résultats expérimentaux illustrent une adaptation séquentielle portant sur deux composantes de fitness majeures de *M. graminicola* : en hiver (période où la quantité d'inoculum secondaire est limitante) ont été sélectionnés les isolats ayant la plus grande capacité à sporuler, puis au printemps (période où la longueur du pathochrome, qui peut réduire le potentiel de montée de la maladie dans le couvert, est limitante) ceux ayant une courte période de latence. Plus généralement, ces résultats attestent de l'existence d'un potentiel adaptatif susceptible de s'exprimer, localement et à l'échelle intra-annuelle, dans la sélection d'une population pathogène en interaction étroite avec des caractéristiques de son hôte (stade phénologique) et du climat (température).

Mots-clés

adaptation thermique, blé, champignon phytopathogène, composante d'agressivité, épidémiologie végétale, fitness, interaction plante-pathogène, *Mycosphaerella graminicola*, plasticité, saisonnalité, stade phénologique, traits de vie.

Adaptation d'une population d'AcMNPV à plusieurs espèces d'hôtes

Aurélien Chateigner¹; Davy Jiolle¹, Cindy Pontleve¹; Carole Labrousse¹; Annie Bézier¹; Elisabeth Herniou¹

Institut de Recherche sur la Biologie de l'insecte, UMR CNRS 7261, Université François Rabelais, Faculté des Sciences et Techniques, Avenue Monge, Parc Grandmont, 37200 Tours.

Les virus se répliquant obligatoirement dans des cellules, celles-ci constituent leur principale niche écologique. Changer de type cellulaire ou d'espèce hôte nécessite de s'adapter à ces nouveaux environnements par des mécanismes de sélection naturelle. Puisque différentes espèces représentent différentes niches, nous pouvons nous attendre à ce qu'un virus donné ait différentes virulences dans différentes espèces hôtes. Des bioessais d'une population du baculovirus AcMNPV ont montré que le nombre de corps d'occlusions nécessaires pour obtenir la LD50 (dose létale pour 50% des hôtes) dans 6 espèces hôtes différentes (*Trichoplusia ni*, *Spodoptera exigua*, *Manduca sexta*, *Chrysodeixis chalcites*, *Agrotis ipsilon* et *Mamestra brassicae*) pouvait différer de plusieurs ordres de magnitude (de 52 à 43.600.000). Pour comprendre quels gènes sont impliqués dans l'adaptation des baculovirus, nous avons établi différentes lignées par évolution expérimentale. La sélection a consisté en 10 cycles d'infection, réalisé en 10 répliques. Nous avons démarré en nourrissant des chenilles de 3ème stade larvaire avec une goutte contenant 2.500 corps d'occlusion pour *T. ni* et *S. exigua* et 500.000 corps d'occlusion pour *A. ipsilon* et *M. sexta*, en rapport avec leurs sensibilités respectives et en tentant de réduire les différences entre les différents jeux de données. Les corps d'occlusion furent ensuite resuspendus en volumes égaux, pour que des volumes équivalents soient administrés dans les passages suivants. De ces infections, nous avons observé le temps létal (LT), la dose létale et la production comme indicateurs de virulence. Ces résultats montrent les trajectoires adaptatives prises par les populations virales pour s'adapter spécifiquement à chacune des espèces hôtes.

Mots-clés

Baculovirus, adaptation hôtes, nucleopolyhedrovirus AcMNPV, dose temps létal, *Trichoplusia ni*, *Spodoptera exigua*, *Manduca sexta*, *Chrysodeixis chalcites*, *Agrotis ipsilon*, *Mamestra brassicae*.

Quand une mouche des fruits Asiatique invasive (*Drosophila suzukii*) rencontre un cerisier Américain invasif en Europe (*Prunus serotina*)

Mathilde Poyet^{1,2}, Olivier Chabrerrie², Vincent Le Roux², Geneviève Prévost², Patricia Gibert¹ et Patrice Eslin²

¹ Université Lyon 1 ; CNRS, UMR 5558, Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, F-69622 Villeurbanne, France

² Unité Ecologie et Dynamiques des Systèmes Anthropisés (EA 4698 EDYSAN), Université de Picardie Jules Verne, F-80037 Amiens Cedex, France

Originaire d'Asie, *Drosophila suzukii* est une espèce invasive qui colonise l'Amérique du nord et l'Europe depuis 2008. A la différence de la majorité des drosophiles qui pondent leurs œufs sur des substrats en décomposition, *D. suzukii* infeste des fruits avant même leur maturité grâce à un puissant ovipositeur dentelé. Cette espèce s'attaque à de nombreuses espèces cultivées (petits fruits rouges, fruits à noyaux, etc...) et est responsable de très importants dégâts. Elle possède donc le statut d'insecte ravageur et est présente notamment sur la liste d'alerte de l'OEPP depuis janvier 2010. Si la polyphagie de *D. suzukii* a déjà largement été mise en évidence sur les fruits cultivés, peu de travaux concernent les baies sauvages. Pourtant la mise en évidence d'autres plantes hôte utilisables par *D. suzukii*, notamment hors des périodes de fructifications des espèces cultivées pourraient apporter de précieuses informations sur la biologie de l'espèce. En particulier, cela permettrait de comprendre comment la drosophile passe l'hiver et quelles sont les espèces refuges qui favorisent son maintien et son expansion si rapide. Lors d'une campagne de piégeage, nous avons montré la présence de *D. suzukii* en forêt de Compiègne (Picardie) sur des sites infestés par le cerisier tardif *Prunus serotina*. Ce cerisier sauvage originaire d'Amérique du Nord envahit aujourd'hui une grande partie des forêts d'Europe occidentale et d'Europe centrale et est une des espèces de plantes les plus envahissantes en milieu forestier en France. Nous avons par ailleurs pu mettre en évidence l'utilisation de *P. serotina* par *D. suzukii* qui pond et se développe efficacement sur les fruits du cerisier invasif. *In natura*, le pourcentage de fruits de *P. serotina* infestés par *D. suzukii* a été estimé à 35%. De plus, différents tests en conditions de laboratoire ont montrés d'une part, d'excellents taux de ponte et de développement de la drosophile et d'autre part, qu'en condition de choix celle-ci pond préférentiellement sur des fruits non matures. *P. serotina* s'avère donc être une plante hôte privilégiée pour *D. suzukii* et pourrait fortement contribuer à son succès d'invasion.

Mots-clés

Drosophila suzukii, *Prunus serotina*, espèces invasives, interactions plante-insecte.

Spécificité des interactions dans un système multi-hôte et multi-parasite.

S. Fellous, M. Orsucci, G. Angot, A. Migeon, P. Auger, I. Olivieri et M. Navajas.

Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, INRA, Montpellier, France

La spécificité des interactions hôte-parasite influence de nombreux aspects de leurs relations, en particulier la colonisation de nouveaux patches, l'épidémiologie et la coévolution. Néanmoins, nous connaissons mal la nature des interactions spécifiques dans : (1) les cas où le même parasite infecte plusieurs espèces d'hôte et (2) les situations de coinfection (i.e. infection d'un hôte par plusieurs parasites).

Le modèle acarien présente plusieurs atouts pour aborder ces questions. Les acariens phytophages *Tetranychus urticae* et *T. evansi* ont respectivement un spectre d'hôte très large ou restreint à quelques familles de plantes. Nous avons caractérisé la diversité génétique des deux acariens afin d'étudier (1) la spécialisation de *T. urticae* à différents génotypes et espèces d'hôtes et (2) l'influence de cette spécialisation sur la compétition entre les deux espèces sur le même hôte.

Nos résultats révèlent chez *T. urticae* des effets asymétriques de l'adaptation à l'hôte sur l'étendue du spectre d'hôte. De plus il apparaît que l'issue de la compétition entre les deux parasites dépend de la combinaison de leurs génotypes respectifs (i.e. interaction G.parasite*G.parasite). Nos résultats suggèrent un rôle important des défenses des plantes lors des coinfections par ces deux acariens et ont des conséquences pour leur dynamique en environnement hétérogène.

Modifications de la virulence et augmentation de l'agressivité des populations de *Plasmopara viticola* face à la résistance de la vigne

Mélanie Rouxel¹, Pere Mestre², Laurent Delière¹, Sylvie Richard-Cervera¹, François Delmotte¹

¹UMR Santé et Agro-écologie du Vignoble, INRA Bordeaux

²UMR Santé de la Vigne et Qualité du Vin, INRA Colmar

Plasmopara viticola, l'agent causal du mildiou de la vigne, est un oomycète biotrophe obligatoire qui a été introduit en Europe depuis le Nord des Etats-Unis à la fin des années 1870, probablement avec l'importation des porte-greffes américains résistants au phylloxéra. La Vigne européenne (*Vitis vinifera*) s'est avérée être très sensible à la maladie, et le mildiou de la vigne est vite devenu un problème majeur dans les vignobles à travers le continent. De nos jours, la lutte contre le mildiou de la vigne nécessite de nombreux traitements fongicides. Une autre méthode pour contrôler cette maladie est la sélection de vignes résistantes. Comme tous les cultivars de *V. vinifera* sont sensibles à *P. viticola*, la résistance au mildiou doit être introduite à partir d'autres espèces de *Vitis* à travers des programmes de sélection visant à produire de nouvelles variétés présentant une résistance durable. Dans le cas d'autres pathosystèmes, la plupart des variétés déployées possédant une résistance monogénique ont été rapidement contournées en raison des modifications de virulence acquises dans les populations d'agents pathogènes. Le premier contournement de la résistance de la vigne au mildiou a été identifié en 2010 sur Bianca, une variété contenant un QTL majeur de résistance. Par conséquent, il est primordial d'évaluer la durabilité à long terme de la résistance quantitative et comprendre comment le déploiement de cette résistance peut entraîner des modifications au sein des populations d'agents pathogènes. Dans cette étude, nous avons examiné l'évolution de la virulence et de l'agressivité des populations européennes de *P. viticola* face à la résistance de la vigne. Nous avons échantillonné des isolats de *P. viticola* sur des cultivars sensibles de *V. vinifera* et des variétés commercialisées présentant une résistance au mildiou. Des expériences d'inoculations croisées ont été menées afin de comparer la capacité d'isolats provenant de variétés résistantes et sensibles à coloniser les tissus foliaires des variétés résistantes et sensibles. Par ailleurs, le niveau d'agressivité (nombre de sporanges) a été comparé 6 jours après l'inoculation. Des différences d'agressivité ont été obtenues entre les isolats prélevés sur des variétés sensibles et résistantes. Une partie des isolats provenant de variétés résistantes a montré le même niveau de la sporulation sur leur hôte d'origine que sur le cultivar sensible Cabernet sauvignon. De plus, une augmentation significative de l'agressivité a été observée dans la population des isolats provenant de variétés résistantes. De plus, au sein d'une même parcelle, les isolats contournant le QTL *Rpv3* (présent dans cette expérience dans trois variétés différentes) sont génétiquement proches. Les contournements observés dans cette parcelle pourraient donc résulter d'un événement unique de contournement.

Récurrence interannuelle d'un champignon parasite obligatoire d'une culture annuelle

I. Sache¹, J. Berder¹, V. Garreta^{1,2}, H. Goyeau¹, J. Moinard³, S. Soubeyrand², F. Suffert¹

¹INRA, UR1290 Bioger-CPP, 78850 Thiverval-Grignon, France

²INRA, UR546 BioSP, 84914 Avignon, France

³DRAAF Midi-Pyrénées, 31074 Toulouse Cedex, France

Le développement des champignons parasites obligatoires est conditionné à la présence de tissu hôte vivant. Dans le cas des cultures annuelles, la récurrence interannuelle des épidémies nécessite soit une recolonisation à partir de sources distantes soit un mécanisme de conservation local. Dans le cas de la rouille brune du blé, le seul mécanisme susceptible de permettre la survie locale en période d'interculture est la perpétuation de la maladie sur les repousses de blé (*green bridge*). L'objectif de ce travail est d'évaluer la contribution quantitative et qualitative des repousses à la dynamique multiannuelle de la maladie. Une étude expérimentale permet de quantifier le développement des épidémies au sein de parcelles et de caractériser les populations pathogènes (pathotype) échantillonnées sur parcelles et sur repousses. La démarche de modélisation statistique associée utilisera ces données pour reconstituer la contribution des repousses à l'infection des parcelles cultivées.

L'échantillonnage effectué au sein d'un bassin de production à l'automne montre que des repousses sont présentes et hébergent le parasite. La comparaison des pathotypes échantillonnés sur repousses et au sein de parcelles malades à la fin d'une saison culturale et au début de la suivante confirme expérimentalement que les repousses peuvent bien constituer le *green bridge* nécessaire à la perpétuation de l'épidémie.

La modélisation vise à conforter ce résultat en quantifiant les liens entre les compositions pathotypiques des populations dans le temps (début et fin de saison) et dans l'espace (parcelles et repousses). En termes statistiques, le problème revient à estimer un modèle dans lequel une composition observée (parcelle de la saison) est à expliquer par d'autres compositions bruitées (parcelles de la saison précédente et repousses).

Estimation bayésienne du taux d'échantillonnage et de la taille de la population des tiques à l'affût récoltées par la méthode du drapeau

Séverine Bord (1), Gwenaél Vour'h (1), Patrick Gasqui (1), Pierre Druilhet (2)

(1) Unité d'Epidémiologie Animale (UR346), Centre INRA de Theix, 63122 Saint Genès Champanelle

(2) Laboratoire de mathématiques, UMR CNRS 6620, Université Blaise Pascal, 63177 Aubière CEDEX, France

Les écosystèmes en général et les systèmes pathologiques en particulier reposent sur des processus sous-jacents qui ne sont parfois pas directement observables ou connus. Par conséquent, les écologues et épidémiologistes travaillent à partir de données observables mais imparfaites. Cette imperfection est liée à la méthode de recueil des observations et génère de l'incertitude vis-à-vis de l'information recueillie. Si cette incertitude n'est pas prise en compte a priori par une stratégie d'échantillonnage adaptée et/ou a posteriori dans la modélisation, les conclusions seront erronées. Première maladie vectorielle de l'hémisphère Nord, la maladie de Lyme est transmise principalement par les tiques *Ixodes ricinus*, espèce commune en Europe. L'étude du risque de transmission de cette maladie nécessite une estimation précise de l'abondance de tiques *I. ricinus*. Classiquement, cette estimation est basée sur l'échantillonnage de tiques à l'affût par la méthode du drapeau. Cependant, l'efficacité de cette méthode d'échantillonnage est variable selon les conditions de prélèvement; pour autant, elle n'est que peu étudiée et jamais prise en compte dans les modèles d'abondance de tiques. Cette imperfection de la méthode du drapeau augmente la variabilité des observations ce qui diminue la puissance des tests statistiques. L'objectif de notre travail est d'étudier les propriétés de la méthode du drapeau par l'estimation du taux d'échantillonnage et de la population de nymphes à l'affût d'une zone observée. Pour cela, nous avons échantillonné, en septembre 2011, 60 zones de 10m² dans la forêt de Sénart. Pour chaque zone, nous avons réalisé 16 prélèvements successifs. Ces observations sont modélisées par une approche bayésienne pour, à terme, (1) déterminer la part de variabilité des observations due à la variabilité du taux d'échantillonnage, (2) intégrer les facteurs responsables de cette variabilité dans les modèles d'abondance des tiques. Les résultats préliminaires indiquent une efficacité variant entre 41% et 60% selon les conditions de prélèvement.

Mots-clés

Taux d'échantillonnage ; Méthode du drapeau; Tiques *Ixodes ricinus* ; Modèle hiérarchique bayésien

Epidémiologie prédictive de la Flavescence Dorée de la vigne : importance du compartiment sauvage et des interactions des phytoplasmes avec la faune hémiptère.

Sylvie Malembic-Maher, Delphine Desqué, Patricia Carle, Jean-Luc Danet, Pascal Salar, Laure Béven et Xavier Foissac

Equipe Mollicute, UMR 1332 Biologie du Fruit et Pathologie, INRA et Université Bordeaux Ségalen

Les épidémies de Flavescence dorée (FD) de la vigne ont un impact économique et social important en Europe du Sud. Cette maladie de quarantaine est provoquée par un phytoplasme; une petite bactérie sans paroi qui colonise la sève élaborée des plantes qu'elle infecte. Le phytoplasme FD est transmis au vignoble par la cicadelle d'origine nord-américaine *Scaphoideus titanus* introduite dans le sud de l'Europe lors de l'importation massive de porte-greffes américains résistants au phylloxera. Longtemps considéré comme originaire d'Amérique, le phytoplasme de la FD s'est avéré présent dans 60 à 80 % des aulnes européens et dans les clématites en Europe du sud-est chez lesquels il est transmis respectivement par *Oncopsis alni* et *Dictyophara europea*. Nous avons pu identifier plus de 140 génotypes du gène de ménage *map* dans les aulnes et les clématites dont seulement une dizaine est détectée dans les foyers de FD de la vigne. Le passage de l'aulne/clématite à la vigne et sa propagation épidémique par la cicadelle viticole *S. titanus* est donc peu fréquent. Il est donc possible que toutes les souches du phytoplasme FD ne soient pas transmissibles par la cicadelle *S. titanus*, qui appartient à la famille des *Deltocephalinae* alors que les vecteurs *O. alni* et *D. europea* font partie des familles *Macropsinae* et *Dictyopharidae*.

Nous recherchons les déterminants génétiques du phytoplasme qui expliqueraient cette adaptation de certaines souches du phytoplasme à la famille des cicadelles *Deltocephalinae*. Lors du séquençage du génome du phytoplasme FD92, nous avons découvert le gène *vmpA* qui code une protéine de surface, antigène majeur du phytoplasme FD. Les études de diversité génétique de *vmpA* ont montré qu'il est soumis à une pression de sélection positive qui traduit une adaptation du gène et qu'il clusterise en fonction de la capacité des souches à être transmises par *S. titanus*. Les souches des clusters II et III correspondent aux souches épidémiques au vignoble alors que les souches du cluster I, détectées seulement chez les aulnes n'ont pas pu être transmises expérimentalement par *S. titanus*. De plus, la protéine VmpA possède une organisation en large domaines répétés de 78 acides aminés, similaire aux protéines de surface bactériennes impliquées dans la reconnaissance des cellules eucaryotes. Nous avons exprimé cette protéine en système hétérologue et l'avons purifiée. Nous avons montré que VmpA est capable de reconnaître des protéines de 55 et 250 kDa chez les insectes *S. titanus* et *Euscelidius variegatus*, une cicadelle de la famille des *Deltocephalinae* capable de transmettre expérimentalement les souches transmissibles par *S. titanus*. Le récepteur de 250 kDa est notamment présent dans les glandes salivaires des cicadelles, un organe que le phytoplasme doit coloniser pour être transmis à une nouvelle plante. Par ailleurs, les récepteurs de 55 et 250 kDa sont respectivement présents dans les ovaires et les testicules des cicadelles. Pour identifier ces récepteurs une banque RNAseq a été réalisée pour la cicadelle vectrice expérimentale *E. variegatus*. La purification de ces récepteurs par chromatographie d'affinité et leur identification par spectrométrie de masse MALDI-TOF ouvrira la voie à la compréhension des mécanismes d'interaction phytoplasme-cicadelle et de l'adaptation des phytoplasmes à de nouveaux insectes vecteurs.

Répartition mondiale potentielle d'une peste agricole importante: incertitude des modèles et effets du changement climatique sur *Tetranychus evansi* (Acari: Tetranychidae).

Christine Meynard, Alain Migeon, Maria Navajas

INRA, UMR CBGP (INRA / IRD / Cirad / Montpellier SupAgro), Campus international de Baillarguet, CS 30016, F-34988 Montferrier-sur-Lez cedex, France.

On s'attend à ce que les changements climatiques produisent des changements dans la répartition des espèces qui suivent le déplacement de leurs conditions environnementales préférées. Dans le cas des pestes agricoles, ceci pourrait avoir des conséquences importantes pour la production globale d'aliments et donc la sécurité alimentaire. Ici nous utilisons un cas d'études avec *Tetranychus evansi*, une peste agricole répandue au niveau global qui affecte principalement les cultures de Solanacées, pour montrer comment l'incertitude peut affecter les projections de la répartition potentielle de l'espèce.

Nous explorons trois aspects liés à l'incertitude des modèles: (1) la méthode de modélisation; (2) la prévalence de l'espèce; et (3) la variabilité entre haplotypes dans la niche environnementale. Nous avons employé ensuite des techniques de consensus pour faire des projections de la répartition potentielle de l'espèce sous deux scénarios de changement climatique pour 2080. Nous avons aussi généré des cartes de la variance entre projections qui montrent que l'incertitude ne se répartit pas de façon géographiquement homogène.

Tous les facteurs ici étudiés génèrent des incertitudes importantes au niveau des projections. Les régions de coïncidence entre modèles sous les conditions climatiques actuelles incluent des régions tropicales et subtropicales en Amérique du Sud et Afrique, mais aussi des régions plus tempérées en Amérique du Nord, le Bassin Méditerranéen et l'Australie. Sous des scénarios futurs, les zones vulnérables bougent vers les pôles en Europe et d'autres zones tempérées, mais on note une diminution importante de l'aire globale de répartition potentielle, particulièrement dans les régions tropicales de l'Afrique et les Amériques. Une analyse de superposition de niche montre aussi que les deux haplotypes principaux ont une réponse différente face à l'environnement.

Comportement de chasse de *Vespa velutina* sur *Apis mellifera*

Karine Monceau, Olivier Bonnard, Denis Thiéry

UMR Santé et Agro-écologie du Vignoble, INRA Bordeaux

Le frelon à pattes jaunes, *Vespa velutina*, a été introduit en France peu avant 2004. Depuis son introduction, *V. velutina* s'attaque au cheptel apicole dans les régions envahies. Dans un contexte déjà délétère pour l'apiculture, l'acquisition d'informations relatives à la biologie et au comportement de ce prédateur invasif est urgente afin de permettre à terme d'ajuster une stratégie de lutte efficace. Plus particulièrement, la compréhension de son comportement de prédation sur un rucher est indispensable. A l'échelle d'un rucher, certaines ruches semblent être plus touchées que d'autres. Afin de comprendre ce phénomène, un suivi en capture-marquage-recapture a été réalisé sur un rucher expérimental. Les frelons ont été capturés simultanément devant chacune des ruches, marqués avec un code couleur unique puis immédiatement relâchés. Ceci nous a permis d'évaluer: (i) le nombre de frelons en prédation, le nombre de visites quotidiennes et l'évolution sur neuf jours, (ii) le temps écoulés entre deux recaptures consécutives, et (iii) la répartition des frelons sur les six ruches. La proportion d'individus recapturés décroît rapidement sur neuf jours en passant de 50% le premier jour à 5% au bout de neuf jours. Une réduction du délai observé entre deux recaptures réalisées le même jour suggère, qu'avec l'expérience, les frelons deviennent plus efficaces dans leur comportement de chasse. Enfin, au niveau individuel, la plupart des frelons visitent toutes les ruches sans préférence apparente. Par contre, en considérant l'ensemble des frelons, une ruche en particulier attirait plus de frelon que les autres. Ces résultats sont discutés en regard des connaissances existantes sur les autres espèces de frelons et plus particulièrement *V. crabro*, le frelon Européen avec lequel *V. velutina* est compétition directe, mais également *V. mandarinia* qui est le seul frelon à avoir un comportement de prédation en groupe.

Caractérisation des facteurs inducteurs de galles chez les guêpes galligènes

Sébastien Cambier, Olivia Ginis, Sébastien Moreau, David Giron, Élisabeth Huguet, Jean-Michel Drezen.

Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, UMR CNRS 7261, Université François Rabelais, Tours, FRANCE.

Les guêpes Cynipides pondent leurs œufs à l'intérieur d'une plante hôte et induisent des galles, des structures complexes spécifiques de l'espèce inductrices. La formation de ces galles nécessite une manipulation des tissus de la plante permettant le développement d'un nouvel «organe» absent chez la plante saine. Le mécanisme de formation de ces galles est encore inconnu et l'arsenal des molécules de virulence utilisées est particulièrement intéressant à comparer avec celui des guêpes parasitoïdes manipulant la physiologie des insectes hôtes. En effet, les Cynipidea constituant la famille des guêpes galligènes sont étroitement apparentées aux guêpes endoparasitoïdes. De plus, les Cynipidea forment un groupe monophylétique, suggérant que la capacité à former des galles a été acquise par l'ancêtre commun de ces guêpes et pourrait correspondre à la domestication d'un symbiote viral ou procaryote, à l'instar de certaines guêpes endoparasitoïdes.

Pour identifier les facteurs inducteurs des galles nous avons mis en œuvre, pour la première fois, une approche transcriptomique à haut débit (pyroséquençage 454) sur des espèces de guêpes galligènes collectées sur le terrain. Le but est d'identifier les ARN messagers les plus abondants dans les organes connus pour être impliqués dans la virulence chez les guêpes endoparasitoïdes que sont les ovaires et les glandes à venin. L'induction de la galle comme l'endoparasitisme d'un insecte hôte implique les sécrétions introduites lors de la ponte provenant de ces deux organes. Nous avons réalisé cette approche sur les glandes à venin et les ovaires de deux espèces (*Biorhiza pallida*, *Diplolepis rosae*) induisant des galles respectivement sur le chêne et l'églatier. Au total 597290 lectures d'une longueur moyenne de 350 paires de bases ont été obtenues et traitées par des outils bioinformatiques. Nous présenterons les premiers résultats de cette approche innovante de génomique appliquée à ces organismes encore très peu étudiés au niveau moléculaire.

Mots-clés

Guêpes galligènes, virulence, facteurs inducteurs de galles, séquençage haut débit.

Spécificité et mécanisme du transfert transgénérationnel d'immunité chez l'insecte *Tenebrio molitor*.

Aurore Dubuffet, Caroline Zanchi, Jérôme Moreau, Yannick Moret

Equipe Ecologie Evolutive, UMR CNRS 6282 Biogéosciences, Université de Bourgogne, 6 Boulevard Gabriel, 21000 Dijon, France

Protéger sa progéniture est une règle élémentaire dans le monde vivant: les juvéniles n'étant généralement pas encore aptes à se défendre contre les pathogènes potentiels, de nombreuses espèces ont mis en place des systèmes de protection maternelle au cours de leur évolution. Le transfert d'immunité à la progéniture est bien caractérisé chez les vertébrés, chez lesquels des anticorps peuvent être transférés aux jeunes par le biais du placenta et du colostrum chez les mammifères, ou du vitellus chez les oiseaux, les reptiles et les poissons suite à l'exposition des mères à des pathogènes. Cette dernière décennie, différentes études ont également mis en évidence chez les invertébrés une immunité accrue chez les descendants de femelles exposées à des pathogènes. Ce phénomène de 'transfert trans-générationnel d'immunité' est cependant souvent perçu comme 'artefactuel' par les immunologistes de vertébrés, non seulement parce que les invertébrés ne possèdent pas d'anticorps, mais également parce que le mécanisme moléculaire de ce transfert n'est à ce jour pas expliqué.

Je présenterai les premiers résultats obtenus concernant la spécificité et le mécanisme du transfert transgénérationnel d'immunité chez le coléoptère *Tenebrio molitor*.

Interactions GxG entre le moustique *Aedes aegypti* et les Flavivirus DENV-2: un rôle clef pour la voie RNAi via le gène Dicer2.

Christine Chevillon¹, Elsa Quillery¹, Valérie Noël¹, Jason H. Richardson², Richard G. Jarman³, Thomas W. Scott⁴ & Louis Lambrechts¹

¹: MIVEGEC (UMR 5290 CNRS-U. Montpellier I & II; UMR-IRD 224), Montpellier

²: Entomology Branch &

³: Viral Disease Branch, Walter Reed Army Institute of Research, Silver Spring, MD 20910, USA

⁴ Department of Entomology, University of California, Davis, USA

⁵ adresse actuelle; Insectes & Maladies Infectieuses, Institut Pasteur, Paris.

Alors que l'on a longtemps cru que le système immunitaire des Invertébrés reposait sur des mécanismes à très large spectre, les données illustrant des interactions très spécifiques entre les hôtes Invertébrés et leurs pathogènes tendent à s'accumuler. L'identification des bases génétiques impliquées dans ces interactions de type Génotype x Génotype (GxG) s'avère la prochaine étape vers une meilleure appréhension des contraintes géant l'évolution de ces systèmes hôte-parasite où l'hôte est Invertébré.

Telle est la logique que nous avons suivie dans notre étude des interactions entre des moustiques *Aedes aegypti* et des Flavivirus de dengue (DENV-2) à partir d'échantillons co-évoluant en populations naturelles (Thaïlande). Nous avons préalablement montré que la compétence vectorielle d'*A. aegypti* pour les virus DENV-2 était du type GxG. Ici, nous nous attachons à la caractérisation des bases génétiques impliquées dans ces interactions GxG. Nous montrons un rôle clef de Dicer-2, un gène d'*A. aegypti* qui code une protéine jouant en amont de la voie RNAi (interférence ARN) ; i.e. une des voies de défense antivirale majeure.

Cette démonstration repose sur deux analyses complémentaires. La première porte sur le statut d'infection d'une population 'outbred' de moustiques exposée à l'un ou l'autre de deux isolats viraux. La seconde comprend l'analyse du statut d'infection de femelles moustiques appartenant à l'une ou l'autre de trois fratries qui ont été exposées aux trois mêmes isolats viraux. Dans les deux cas, le génotype de Dicer-2 est associé à une résistance isolat-spécifique des moustiques. En revanche, le polymorphisme de loci situés de part et d'autre de Dicer-2 ne montre aucune corrélation avec les interactions GxG mise en évidence. Par ailleurs, le séquençage complet des cinq isolats viraux utilisés ici confirme que ces isolats sont très proches génétiquement mais ne permet pas d'identifier les bases génétiques virales de ces interactions GxG. Ces résultats confirment ainsi une très forte spécificité d'interaction insecte-virus dans la compétence vectorielle d'*A. aegypti* vis-à-vis des Flavivirus DENV et ils montrent de plus un rôle majeur de la voie d'interférence ARN dans ces interactions Insectes-Virus.

Evolution of lettuce mosaic virus towards resistance-breaking in lettuce: involvement of the viral cylindrical inclusion.

Maud Sorel, Laurence Svanelle, Geneviève Roudet-Tavert, Thierry Candresse and Sylvie German-Retana.

Equipe de Virologie, UMR BFP 1332, INRA Université de Bordeaux, BP 81, F-33883 Villenave d'Ornon, France.

Recessive allelic resistance genes mo11 and mo1² are currently used to protect lettuce crops against Lettuce mosaic virus (LMV, potyvirus). However, some isolates can overcome the resistance, questioning its durability. Reverse genetics studies allowed us to identify key amino acids in both the Viral Protein genome-linked (VPg) and the C-terminus of the Cylindrical Inclusion (CI) of LMV, involved in mo1-overcoming. Furthermore, non-lettuce LMV isolates propagated in mo11 plants are able to evolve towards virulence, through the accumulation of mutations in the C-terminus of the CI. Recombinants LMV constructed by exchanging the central region of the CI between virulent and avirulent isolates, were also able to evolve towards mo1-resistance breaking, by acquiring mutations in the CI C-terminus. The contribution of each mutation of the CI to resistance breakdown, their impact on the fitness of the virus and their role in evolution towards virulence are being evaluated.

Mots-clés

Evolution, resistance-breaking, LMV, eIF4E, Cylindrical inclusion, potyvirus

Recherche des gènes impliqués dans la résistance à la peste, chez le rat noir (*Rattus rattus*) à Madagascar

Carine Brouat¹, **Charlotte Tollenaere**¹, **Juliette Pouzadoux**², **Stéphanie Jacquet**², **Svilena Ivanova**², **Caroline Tatard**², **Jean-Marc Duplantier**¹.

¹: IRD-CBGP, ²: INRA-CBGP

La peste est une zoonose causée par *Yersinia pestis*, dont les rongeurs sont les réservoirs. A Madagascar, la maladie est endémique dans la région des hauts plateaux centraux depuis 1930. L'espèce impliquée comme réservoir est le rat noir, *Rattus rattus*, qui peut être sensible ou résistant à la maladie. Une approche de génomique des populations basée sur l'utilisation de marqueurs AFLP a permis d'identifier 22 marqueurs potentiellement impliqués dans la résistance à la peste. Au voisinage de ces marqueurs, 8 gènes de l'immunité ont pu être identifiés. Afin d'étudier si existait un polymorphisme de séquence pouvant expliquer la résistance à la peste au sein de ces gènes candidats, nous avons séquencé leurs parties codantes chez des rats noirs caractérisés comme sensibles ou résistants à la peste.

Mots-clés

immunogénétique; rongeurs; zoonose; génomique des populations; résistance

Contrôle et évolution des endosymbioses arthropodes-bactéries : évidence d'un syndrome symbiotique.

Moné Yves¹, **Carpentier Marie -Christine**¹, **Kremer Natacha**¹, **Raquin Vincent**², **Valiente Moro Claire**², **Vincent-Monégat Carole**³, **Chevalier Frédéric**⁴, **Braquart -Varnier Christine**⁴, **Grève Pierre**⁴, **Mavingui Patrick**², **Heddi Abdelaziz**³, **Bouchon Didier**⁴, **Vavre Fabrice**¹

¹ Université de Lyon, F-69000, Lyon; Université Lyon 1; CNRS, UMR5558, Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, F -69622, Villeurbanne, France

² Université de Lyon, F-69000, Lyon; Université Lyon1; CNRS UMR 5557, INRA USC 1367, VetAgro Sup, Ecologie Microbienne, F -69622, Villeurbanne, France

³ INSA -Lyon, UMR203 BF2I, INRA, Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, Bat. Louis -Pasteur 20 av. Albert Einstein, F -69621 Villeurbanne, France

⁴ Ecologie et Biologie des Interactions, équipe Ecologie, Evolution, Symbiose, UMR CNRS 7267, Université de Poitiers, Poitiers 86022, France

Les organismes eucaryotes entretiennent avec les micro-organismes des interactions symbiotiques diverses dont la nature varie du parasitisme au mutualisme. Malgré cette diversité, les mécanismes qui régissent ces interactions semblent similaires : le dialogue moléculaire entre hôtes et microbes mutualistes ou parasites reposerait sur des bases communes. Afin de mieux comprendre les mécanismes communs, mais aussi spécifiques, aux associations symbiotiques, une analyse transcriptomique globale comparative a été menée sur quatre modèles d'association, couvrant différents types d'interactions le long du continuum parasitisme-mutualisme, entre un hôte Arthropode et une bactérie endosymbiotique à transmission verticale.

Trois espèces hôtes sont associées à la bactérie Wolbachia : l'hyménoptère parasitoïde *Asobara tabida*, où Wolbachia est indispensable à l'ovogenèse; le moustique *Aedes albopictus* naturellement infecté par des souches de Wolbachia induisant de l'incompatibilité cytoplasmique ; et l'isopode *Armadillidium vulgare* où la bactérie induit une féminisation des mâles génétiques générant ainsi une interaction conflictuelle. Le quatrième modèle est représenté par le charançon des céréales *Sitophilus oryzae* qui partage une symbiose nutritionnelle obligatoire avec la gamma-protéobactérie SPE (Sitophilus Primary Endosymbiont). L'analyse des transcriptomes obtenus par séquençage à haut débit (RNA-Seq) a été menée sur les ovaires d'individus infectés et non infectés par leur symbiote. L'identification de gènes différenciellement exprimés entre ces deux conditions et entre les quatre modèles de symbiose a permis de mettre en évidence des mécanismes communs et spécifiques impliqués dans ces symbioses, notamment certaines voies de régulation du stress oxydatif, de l'autophagie, de l'apoptose, et de la réponse hormonale qui définiraient ainsi un syndrome symbiotique.

Mots-clés Endosymbiose Arthropode/bactéries ; processus cellulaires et moléculaires de la symbiose; RNA- Seq

Hyménoptères endoparasitoïdes du genre *Asobara* : analyse comparative des facteurs de virulence.

Coulette Quentin, Anselme Caroline, Doury Géraldine, Cherqui Anas, Eslin Patrice, Prévost Geneviève

Université de Picardie - Jules Verne, 33 rue Saint Leu, 89039, Amiens

Un hyménoptère endoparasitoïde accomplit son développement larvaire à l'intérieur d'un insecte hôte. Durant cette période, la survie du parasitoïde est notamment conditionnée par sa capacité à mettre en échec la réponse immunitaire de son hôte et à manipuler sa physiologie, grâce à des facteurs de virulence (FV) co-injectés avec l'œuf (e.g. protéines venimeuses ou ovariennes). Réciproquement, la survie de l'hôte dépend de sa capacité à résister au parasitoïde. Cette interaction conduit obligatoirement à la mort de l'un ou l'autre des deux partenaires du couple hôte-parasitoïde. Pour accomplir avec succès leur développement, les hyménoptères endoparasitoïdes ont hérité d'une «boîte à outils» d'origine venimeuse et/ou ovarienne, dans laquelle ont été recrutés ces FV.

Dans l'équipe BIPE de l'unité EDYSAN (FR CNRS 3417), nous nous intéressons aux braconides du genre *Asobara*, endoparasitoïdes des larves de drosophiles. Les travaux menés par BIPE ont montré que plusieurs espèces du genre *Asobara* différaient dans leur stratégie de virulence vis-à-vis de l'hôte drosophile. Ma thèse aborde le dialogue moléculaire virulence/résistance du couple parasitoïde/hôte par l'analyse comparative des répertoires de FV respectifs des 3 espèces: *A. japonica*, *A. citri* et *A. persimilis*. Je m'attache à appréhender et comparer la diversité intra- et inter-spécifique des FV de ces espèces afin de construire leur histoire évolutive.

Une analyse couplée du transcriptome (séquençage Illumina) et du protéome (spectrométrie de masse) des glandes à venin et des ovaires des 3 espèces nous a permis de répertorier les gènes exprimés dans ces tissus. Il s'agit maintenant d'analyser les données de séquençage pour identifier des FV potentiels en fonction de leur ressemblance avec des FV déjà connus et/ou de leur abondance dans le venin ou le fluide ovarien. Des approches fonctionnelles permettront ensuite de confirmer et, à terme, de caractériser le rôle de ces candidats dans la virulence des parasitoïdes.

Mots-clés

Hôte-Parasitoïde, Drosophile, *Asobara*, Résistance, Virulence, Évolution, Glandes à venin, Fluide ovarien

Influence de *Wolbachia* sur le choix du partenaire sexuel et le succès reproducteur de son hôte.

Yves Caubet & Freddie-Jeanne Richard

UMR CNRS 7267 « Écologie et Biologie des Interactions », équipe « Écologie, Évolution, Symbiose », Faculté des Sciences, Université de Poitiers, 40 Av. recteur Pineau, 86022 POITIERS.

yves.caubet@univ-poitiers.fr (05 49 45 35 61) – freddie.jeanne.richard@univ-poitiers.fr (05 49 36 64 07)

La bactérie intracellulaire *Wolbachia* est un symbiote modifiant la reproduction de nombreux hôtes invertébrés afin de maximiser sa propre transmission. Dans notre modèle d'étude, les Crustacés Isopodes terrestres, l'effet caractéristique du symbiote se manifeste par un biais de sexe ratio dans les populations hôtes en faveur du sexe transmetteur de la bactérie : les femelles. Le symbiote, en bloquant la différenciation des embryons mâles infectés (effet « féminisant »), aboutit à un nouveau type de femelles (néo-femelles), parfaitement fonctionnelles. Les modèles théoriques prédisent la disparition des femelles génétiques dans les populations infestées. Cependant, les coûts de l'infection peuvent expliquer le maintien des femelles génétiques.

En effet, le succès reproducteur des femelles symbiotiques est altéré avec des conséquences négatives sur la survie des jeunes et des adultes, la croissance, l'entrée en reproduction, la fertilité et l'allocation des ressources. Les néo-femelles montrent également un profil comportemental intermédiaire entre mâles et femelles génétiques : leur niveau d'activité est augmenté, leurs comportements sexuels et sociaux sont différents. Ces modifications sont plus ou moins importantes selon la souche de *Wolbachia*.

Ainsi, dans une perspective de sélection sexuelle, ces femelles symbiotiques semblent avoir des phénotypes distincts orientant le choix du mâle. Les mâles sont capables de discriminer les femelles et interagissent préférentiellement avec les femelles génétiques et leur investissement spermatique est moins important si leur partenaire est infectée. La reconnaissance et la discrimination de ces femelles sont corrélées avec des différences de signatures chimiques entre ces femelles. Nous émettons l'hypothèse que l'odeur des individus pourrait être utilisée comme signal honnête de la qualité des femelles.

L'impact en dynamique des populations est un prolongement naturel de ces études afin d'apprécier les conséquences sur l'évolution des stratégies de reproduction des hôtes et sur le maintien du parasite.

Mots clés : Sélection sexuelle – Succès reproducteur – Écologie chimique – Comportements – Crustacés terrestres

Un modèle original de transmission verticale de microsporidies chez le nématode *Caenorhabditis elegans*

Aurore Dubuffet^{1,2}, Carola Petersen¹, Nadine Sydow¹, Antje Thomas¹, Hinrich Schulenburg¹

¹Department of Evolutionary Ecology and Genetics, Zoological Institute, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Am Botanischen Garten 9, 24118 Kiel, Germany

²Equipe Ecologie Evolutive, UMR CNRS 6282 Biogéosciences, Université de Bourgogne, 6 Boulevard Gabriel, 21000 Dijon, France

Le nématode *Caenorhabditis elegans* est parmi les modèles animaux les plus employés pour étudier les bases génétiques de l'immunité innée et des interactions hôte-parasite. Il existe cependant très peu d'informations concernant le mode de transmission des parasites infestant cet hôte. La plupart des études supposent l'absence de transmission verticale, puisque qu'une transmission horizontale via l'ingestion de propagules infectieuses est aisément obtenue, et puisque les œufs d'individus infestés ne contiennent pas de pathogènes. Cette observation ne rejette cependant qu'une éventuelle transmission trans-ovarienne, et l'existence de transmission verticale via une stratégie alternative n'avait jamais été testée.

Je présenterai les résultats obtenus dans l'interaction entre une microsporidie et l'hôte *C. elegans*, *Nematocida parisii*, qui nous permettent non seulement de mettre en évidence pour la première fois l'existence de transmission verticale chez *C. elegans*, mais également un nouveau mode de transmission verticale chez les microsporidies. Ces résultats seront discutés dans un contexte phylogénétique, en comparant les stratégies de transmission connues chez les microsporidies.

Implication des mécanismes épigénétiques dans la vigueur hybride chez *Schistosoma mansoni*

Sara Fneich, Céline Cosseau, André Theron, Anne Rognon, Guillaume Mitta Et Christoph Grunau.

Laboratoire 2EI, Université de Perpignan Via Domitian ; Perpignan

La bilharziose constitue la deuxième maladie parasitaire au niveau mondial, provoquant 200 000 à 300 000 morts par an dans les régions tropicales et subtropicales (selon l'OMS). Le schistosome, vers parasite responsable de cette maladie, possède un cycle de vie complexe qui nécessite le passage par deux hôtes obligatoires (hôte intermédiaire: le mollusque et hôte définitif: les rongeurs et l'homme). Ce parasite se caractérise par sa forte capacité d'adaptation aux nouveaux environnements. Les variantes phénotypiques permettant une adaptation rapide sont générées par des mécanismes génétiques associés à des mécanismes épigénétiques.

Dans le but de comprendre l'implication de la génétique et de l'épigénétique dans le succès du parasite, nous avons effectué des croisements entre deux isolats géographiques différents de *Schistosoma mansoni*. Le phénotype des hybrides de trois générations successives a été analysé au niveau des traits de vie, mais aussi au niveau moléculaire en se focalisant sur des gènes candidats (SmPoMucs), qui constituent une famille multigénique essentielle dans l'interaction du parasite avec le mollusque.

Nos résultats ont montré l'apparition d'une «hybrid vigor», ce qui est cohérent avec les hybrides d'autres modèles biologiques. Les hybrides de *S. mansoni* des générations F1 et F2 sont plus virulents aussi bien sur l'hôte définitif que l'hôte intermédiaire. Les analyses moléculaires montrent que les hybrides expriment une plus grande variété des SmPoMucs en comparaison avec leurs parents. Des résultats de CHIP-qPCR et Western blot suggèrent que la transcription de ces gènes est plutôt due à des mécanismes épigénétiques, influençant la structure chromatinienne. Par conséquent les phénotypes des hybrides seraient le résultat de l'association de leur génotype avec leur épigénotype.

De ce fait, notre objectif actuel c'est de déterminer si la transmission de la structure de la chromatine (épigénotype) suit une ségrégation allélique (Mendélienne) ou bien elle ségrège d'une manière indépendante. Nous espérons contribuer par ce travail à une meilleure compréhension des origines de la forte adaptation du parasite sur ses hôtes, dans le but de lutter contre cette maladie.

Mots-clés

Schistosoma mansoni, épigénétique, vigueur hybride, adaptation, SmPoMucs.

Passager de dernière minute, de première classe ou clandestin: un voyage de *Wolbachia* dans les ovaires d' *Armadillidium vulgare*

Lise Genty, Maryline Raimond, Didier Bouchon et Joanne Bertaux

Laboratoire EBI, UMR CNRS 7267, Bât. B8 40, avenue du Recteur Pineau, 86022 Poitiers cedex

Wolbachia est un endosymbiote largement répandu chez les arthropodes. Comprendre les mécanismes d'entrée et d'installation durable de *Wolbachia* chez ses hôtes permettrait d'affiner notre perception de ces interactions. Dans cette optique, nous étudions les interactions de *Wolbachia* avec un hôte facilement manipulable, l'isopode terrestre *Armadillidium vulgare*. *Wolbachia* étant transmise verticalement à la descendance de son hôte alors que les ovaires sont soumis à un renouvellement cellulaire cyclique, nous cherchons à identifier les mécanismes permettant à *Wolbachia* d'entrer et de se maintenir dans les ovocytes.

Nous avons montré en Hybridation in situ Fluorescente (FISH) que la proportion d'ovocytes infectés augmente au cours de la maturation de l'ovaire et des ovocytes, pour atteindre le taux connu de transmission à la descendance (~80%). Cet enrichissement peut être lié à une sélection préférentielle des ovocytes contenant *Wolbachia* (comme un passager privilégié) et/ou à une acquisition secondaire de la bactérie par les ovaires (comme un passager de dernière minute). Pour valider notre seconde hypothèse, nous avons mis en évidence par transinfection la capacité d'entrée de *Wolbachia* dans des ovocytes en cours de maturation. Des mécanismes cellulaires doivent alors permettre l'internalisation de *Wolbachia* dans une cellule, sans qu'elle soit détruite. *Wolbachia* doit également pouvoir intercepter les composés nécessaires à sa prolifération. Pour monitorer ces voies métaboliques, nous avons mis au point une méthode de détection d'ARNm de l'hôte (Single Molecule FISH) sur organe entier, compatible avec la détection de *Wolbachia*. En comparant des ovaires non infectés par *Wolbachia*, naturellement infectés et en cours d'invasion après transinfection, nous avons observé plusieurs types de réponses à l'infection. Selon les ARNm, nous pouvons observer un déclenchement de l'expression à l'échelle de l'organe entier même quand toutes les cellules ne sont pas infectées, ou au contraire des différences de localisation sub-cellulaire des ARNm, voire des co-localisations avec *Wolbachia*.

Mots-clés

Wolbachia, FISH, cycle reproducteur, endocytose

Transferts horizontaux de *Wolbachia* chez *Porcellio dilatatus* : conséquences proximales et distales sur les traits de vie des partenaires.

Winka Le Clec'h, Romain Pigeault, Elmina Mottin, Christine Braquart-Varnier, Didier Bouchon et Mathieu Sicard

Université de Poitiers, 40, avenue du recteur Pineau, 8602, Poitiers cedex

Les endosymbiotes bactériens *Wolbachia* sont connus pour leur capacité à se transmettre verticalement chez leurs hôtes, de la mère aux descendants, formant ainsi des situations favorables à la co-évolution entre partenaires.

Cependant, les analyses phylogénétiques montrent que les *Wolbachia* peuvent aussi passer d'un hôte à l'autre lors d'événements de transferts horizontaux. Ces transferts horizontaux peuvent être mimés expérimentalement en injectant une *Wolbachia* venant d'un hôte donneur à un hôte receveur.

Nous avons réalisé ce type de transfert en prenant pour hôte receveur l'isopode terrestre *Porcellio dilatatus* et pour donneurs 7 autres espèces d'isopodes terrestres. Le filtre de rencontre ainsi franchi, nous avons pu analyser la capacité des différentes *Wolbachia* à coloniser l'hôte receveur *P. dilatatus* ainsi que les conséquences proximales de ces transferts horizontaux sur les traits de vie de ce même receveur.

Nous montrons que certaines souches de *Wolbachia* sont très virulentes pour *P. dilatatus* tandis que d'autres n'influencent pas les traits de vie de leurs nouveaux hôtes. Ces différents niveaux de virulence ne sont clairement pas liés à des différences de densités bactériennes atteintes dans les tissus hôtes. En revanche, toutes les souches fortement virulentes chez *P. dilatatus* sont féminisantes chez leurs hôtes natifs respectifs. Seules les souches de *Wolbachia* non féminisantes, faiblement virulente chez les mères, parviennent à se transmettre verticalement chez *P. dilatatus*. Dans la descendance, nous montrons que les différentes souches de *Wolbachia* modifient de manière contrastée les compromis entre les traits de vie en particulier entre les traits relatifs à l'immunité (taux d'hémocytes circulant, PO, phagocytose) et ceux relatifs à la reproduction.

Mots-clés

Symbioses, virulence, compromis, immunocompétence

Hétérozygotie et système d'appariement chez l'isopode terrestre *Armadillidium vulgare*

Fanny Beauche¹, Jeanne Richard², Sophie Beltran³

¹: Adresse actuelle: University of Exeter Cornwall Campus Penryn Cornwall TR10 9EZ UKfyjb201@exeter.ac.uk Freddie-

²: Université de Poitiers - UFR Sciences Fondamentales et Appliquées Laboratoire EBI Ecologie & Biologie des Interactions - UMR CNRS 7267 Equipe Ecologie, Evolution, Symbiose, Bât. B840, avenue du Recteur Pineau . F-86022 Poitiers Cedex France, freddie.jeanne.richard@univ-poitiers.fr

³: Université de Poitiers - UFR Sciences Fondamentales et Appliquées Laboratoire EBI Ecologie & Biologie des Interactions - UMR CNRS 7267 Equipe Ecologie, Evolution, Symbiose, Bât. B840, avenue du Recteur Pineau . F-86022 Poitiers Cedex France, sophie.beltran@univ-poitiers.fr

L'hétérozygotie est un facteur clé à l'échelle des mécanismes évolutifs à la base de la biodiversité et il a été montré l'influence des niveaux d'hétérozygotie sur les choix de partenaire sexuel.

Nous avons expérimentalement testé l'influence de l'hétérozygotie sur ce choix de partenaire chez *Armadillidium vulgare*. Ce modèle biologique est particulièrement intéressant pour effectuer ce test car il est grégaire, ce qui pourrait augmenter les risques de consanguinité. Ainsi des mécanismes d'évitement de consanguinité via le choix du partenaire peuvent être attendus.

Nous avons effectué des tests de choix en Y en proposant aux mâles deux femelles génétiquement différentes en termes d'hétérozygotie. Cette expérience a été réalisée en utilisant des individus génétiquement contrôlés avec des niveaux d'hétérozygotie prédéterminés avant les tests comportementaux.

Les premiers résultats semblent aller dans le sens d'évitement de la consanguinité. En effet, le mâle passe plus de temps avec la femelle la plus hétérozygote, surtout quand le mâle présente une hétérozygotie faible. Cette préférence des mâles devrait se traduire par une descendance plus hétérozygote. Parce que l'hétérozygotie pourrait déterminer en partie la capacité de l'hôte à résister aux parasites, le choix du partenaire pour une hétérozygotie élevée, potentiellement liée à des capacités immunitaires particulières, pourrait être un facteur adaptatif important dans la course aux armements entre *A. vulgare* et son parasite sexuel *Wolbachia*.

Mots-clés

Hétérozygotie, choix de partenaire, *Armadillidium vulgare*

Évolution des séquences bracovirales dans le génome des guêpes parasitoïde

Annie Bézier, Faustine Louis, Séverine Jance, Georges Periquet, Julien Thézé; Karine Musset, Catherine Dupuy, Elisabeth A. Herniou et Jean-Michel Drezen

Institut de Recherche sur la Biologie de l'insecte, Université François Rabelais, UMR CNRS 7261

Les bracovirus constituent les exemples les plus complexes d'éléments viraux intégrés dans les génomes eucaryotes. Les gènes nudiviraux sont présents dans le génome des hyménoptères parasitoïdes depuis 100 millions d'années et jouent un rôle fonctionnel dans le cycle de ces guêpes. En effet, ils sont impliqués dans la production des particules de bracovirus injectées dans l'hôte lépidoptère, au cours de la ponte de la guêpe. Les cercles d'ADN double brin, contenus dans les particules, codent pour des facteurs de virulence exprimés dans l'hôte parasite qui sont nécessaires au succès du parasitisme.

Nous avons isolé les segments proviraux (servant de matrice pour produire les cercles) et les régions du génome qui les encadrent dans le génome de la guêpe *Cotesia congregata*. Les séquences sont organisées en un macrolocus comportant 2/3 des segments proviraux et 7 loci dispersés, comprenant chacun de 1 à 3 segments. La comparaison des loci proviraux entre espèces apparentées permet de comprendre la dynamique d'évolution des bracovirus. La conservation des gènes de guêpe présents dans les séquences qui encadrent les segments proviraux montre une grande stabilité des loci viraux dans le génome de la guêpe au cours des 17 millions d'années écoulées depuis la séparation des espèces. En revanche, le nombre et le contenu des segments a évolué de manière très dynamique impliquant une histoire complexe de duplications.

Référence bibliographique

Serbielle, S. Dupas, E. Perdureau, F. Héricourt, C. Dupuy, E. Huguët, J-M Drezen. 2012 Evolutionary mechanisms driving the evolution of a large polydnavirus gene family coding for protein tyrosine phosphatases. BMC Evolutionary Biology 12:253. doi:10.1186/1471-2148-12-253.

Mots-clés

polydnavirus, bracovirus, symbioses, parasitoïde

Effet de la vankyrine hd27-vank1 du polydnavirus hdiv sur la viabilité de l'hôte.

Gabriel Clavijo, Léo Rouvier, Anne-Nathalie Volkoff et Isabelle Darboux

UMR 1333 INRA - Université Montpellier II, Diversité, Génomes & Interactions Microorganismes-Insectes, F-34095 Montpellier Cedex 5, FRANCE

Pour de nombreux endoparasitoïdes ichneumonides, le succès parasitaire dépend de leur association avec un virus symbiote appartenant à la famille des polydnavirus. Les particules virales, produites exclusivement dans les ovaires, sont injectées dans la chenille du lépidoptère au moment de l'oviposition. L'expression des gènes viraux dans les tissus infectés induit des altérations importantes dans la croissance, le développement et la réponse immunitaire de l'hôte, ce qui permet le développement de la progéniture du parasitoïde.

Les gènes vankyrines constituent une famille multigénique que l'on retrouve dans tous les génomes de polydnavirus séquencés jusqu'à présent. Ils codent pour des protéines homologues aux facteurs I κ Bs, inhibiteurs des facteurs de transcription Rel/NF- κ B. Les vankyrines possèdent un domaine ARD constitué de quatre répétitions de type ankyrines qui, chez les I κ Bs, sont essentielles pour leur interaction avec les facteurs NF- κ Bs. Mais contrairement aux I κ B cellulaires, les vankyrines sont dépourvues des domaines de régulation nécessaires à la dissociation du complexe NF- κ B/I κ B : elles formeraient donc un complexe irréversible avec les NF- κ Bs, les empêchant d'induire l'expression de gènes cibles.

Nous avons identifié neuf gènes vankyrines dans le génome du polydnavirus HdIV, présent chez *Hyposoter didymator* [Hyménoptère : Ichneumonidae], un endoparasitoïde larvaire de certaines noctuelles, comme *Spodoptera* spp. Nous avons démontré qu'une de ces vankyrines, Hd27-vank1, était exprimée de manière prédominante dans les larves de *S. frugiperda* infectées par HdIV. Pour tenter de comprendre le rôle fonctionnel de Hd27-vank1, nous avons produit un baculovirus recombinant exprimant la protéine virale. Nous avons alors mesuré les effets de l'expression de la protéine virale sur la viabilité des larves de *S. frugiperda* et des cellules Sf9 infectées avec le baculovirus recombinant. Nous présenterons les résultats obtenus au cours de cette réunion.

Mots-clés

polydnavirus, parasitoïde, vankyrine, viabilité, apoptose

First functional annotation of a polydnavirus: the expressed *Cotesia congregata* bracovirus explored

Chevignon G.; Cambier S.; Huguet E. ; Moreau S. and Drezen J.M.

IRBI UMR CNRS 7261 University Francois Rabelais

Cotesia congregata (Hymenoptera: Braconidae) develops as a gregarious endoparasitoid into larvae of the tobacco hornworm *Manduca sexta* (Lepidoptera: Sphingidae). The parasitoid wasp has evolved virulence strategies using a viral obligatory symbiont from the Polydnavirus (PDV) family named *Cotesia congregata* bracovirus (CcBV). CcBV particles are produced by specialized cells of the wasp ovaries and are injected along with the eggs into the host body. The PDV genome exists as two distinct forms: (i) a linear symbiotic form that is integrated into the wasp's genome and vertically transmitted to its offspring; (ii) an encapsulated circular pathogenic form that is injected into the host by the wasp during oviposition. The integrated genome of the encapsulated virus is made up of 36 segments grouped in 9 regions of the wasp genome and encodes 252 predicted genes distributed in 34 multigenic families. In the wasp, viral gene expression mainly concerns genes involved in viral particle production. In the caterpillar host, the expression of only a few selected candidate virulence genes had been studied, and so far we lacked a global vision of viral gene expression, in particular concerning genes belonging to gene families. Here we performed a large-scale transcriptomic analysis of two distinct immune tissues (fat body and hemocytes) of the host *Manduca sexta* parasitized by *Cotesia congregata*. Following this analysis, we were able to identify 76 CcBV genes expressed 24hrs after parasitism. This analysis allows us for the first time to have a snapshot of global viral gene expression during parasitism at one given time and in two tissues. In particular, we could show differential gene expression of genes belonging to a same gene family. This type of analysis will help us to highlight viral virulence genes that play an essential role in the host-parasitoid interaction.

Mots-clés

Cotesia congregata; *Manduca sexta*; Polydnavirus; Transcriptomic; 454

Génomique des populations de bactéries du complexe *Borrelia burgdorferi* sensu lato

Mathieu Gonnet¹, Maude Pithon¹, Elisabeth Ferquel², Alexandre Claude³, Patrick Gasqui¹, Myriam Charras-Garrido¹, David Abrial¹, Jocelyn De Goer¹, Gwenael Vourc'h¹, Xavier Bailly¹

1 : INRA, UR346 Epidémiologie Animale, 63122 Saint Genès Champanelle, France

2 : CNR Borrelia, Institut Pasteur 25-28 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15, France

3 : Laboratoire de Physique Corpusculaire, 63177 Aubière, France

Les espèces bactériennes du complexe *Borrelia burgdorferi* sensu-lato (s.l.) sont parasites et utilisent des tiques comme vecteurs afin de se maintenir et de transmettre à différents hôtes vertébrés. Chaque espèce de ce complexe bactérien peut se caractériser par sa capacité à infecter un spectre d'hôtes particulier en produisant différents degrés de pathogénicité chez son hôte. Ainsi, parmi ces espèces de *Borrelia burgdorferi* s.l., certaines sont pathogènes pour l'homme et causent la maladie de Lyme.

Le besoin adaptatif de ces bactéries, transitant entre différents hôtes, se répercute sur leurs génomes qui sont les plus atypiques du domaine bactérien. En plus de posséder un chromosome linéaire, une vingtaine de plasmides, pour certains paralogues et dérivés de phage, assurent un dynamisme du génome et confèrent une grande plasticité à cette espèce.

Dans une étude intégrative visant à prendre en compte les différents hôtes potentiels et des facteurs géographiques, nous souhaitons caractériser les processus épidémiologiques et évolutifs expliquant la spécialisation de souches de *Borrelia burgdorferi* s.l. sur différents hôtes et l'émergence de groupes génétiques décrits comme des espèces distinctes. Bien que de nombreux génomes de souches américaines soient disponibles, la diversité des autres espèces du complexe n'a pas encore été appréhendée en Europe. Dans cette optique, nous avons séquencé le génome de 63 souches de *Borrelia burgdorferi* s.l. (afzelii, burgdorferi, garinii), issues de deux cantons alsaciens.

La coccinelle “garde du corps”

Dheilly Nolwenn¹, Maure Fanny^{2,3}, Brodeur Jacques³, Thomas Frédérique², Gourbal Benjamin¹ et Mitta Guillaume¹

1 Ecologie et Evolution des Interactions, UMR CNRS 5244, Université de Perpignan via Domitia, 52 Avenue Paul Alduy, 66860 Perpignan Cedex, France

2 MIVEGEC, UMR CNRS-IRD 5290, 911 Avenue Agropolis, BP 64501, FR-34394 Montpellier Cedex 5, France

3 Institut de recherche en biologie végétale, Université de Montréal, 4101 rue Sherbrooke est, Montréal (Québec), Canada H1X 2B2

La manipulation du comportement des hôtes par les parasites est un phénomène répandu mais les mécanismes proximaux sous jacents restent souvent mal connus. Le modèle d'interaction entre la guêpe parasitoïde *D. coccinellae* et la coccinelle *C. maculata* est particulier car le parasitoïde ne tue pas son hôte après développement de la larve dans son abdomen. Après égression, elle l'emploie comme garde du corps afin de protéger son cocon jusqu'à émergence en tant que guêpe adulte. La coccinelle, placée sur le cocon, tressaute à l'approche des prédateurs, réduisant ainsi le taux de prédation. Les mécanismes impliqués dans cette manipulation comportementale ne sont pas clairs d'autant plus que l'hôte et le parasitoïde ne sont plus en interaction directe pendant la manipulation comportementale.

Afin de caractériser en détail les voies métaboliques modifiées par la guêpe parasitoïde au cours de la parasitose et de la manipulation comportementale, nous avons généré de novo deux transcriptomes: un transcriptome de référence pour la guêpe parasitoïde et un transcriptome de référence pour la coccinelle. Une approche RNA-seq a été employée afin de décrire les variations d'expressions induites par la parasitose. Pour cela, nous avons comparé le transcriptome d'individus: non infectés (phénotype A), infectés par le parasitoïde avant égression (phénotype B1), après égression et induction du comportement «garde du corps» (phénotype B2), et ayant retrouvé un comportement normal après émergence de la guêpe du cocon (phénotype C). L'analyse comparative des profils d'expression a permis de mettre en évidence de nombreuses altérations de la physiologie de l'hôte. De plus, nous avons caractérisé un troisième partenaire dans cette interaction: un Iflavivirus dont le rôle exact dans la manipulation comportementale reste à confirmer.

Mots-clés

manipulation comportementale, guêpe parasitoïde, virus, transcriptomique

Etude d'un phénotype étendu : phénologie des chênes en interaction avec l'oïdium.

Cécile Dantec, Cyril Dutech, Benoit Barrès, Hugo Ducasse, Gilles Saint-Jean, Xavier Capdevielle, Olivier Fabreguettes, Sylvain Delzon et Marie-Laure Desprez-Loustau.

UMR 1202 BioGeCo, INRA Bordeaux – Université Bordeaux I

Le concept de phénotype étendu appliqué aux systèmes hôte/parasite traduit le fait que lors d'une infection, le phénotype de l'hôte et celui du parasite résultent non seulement de leur propre génotype mais aussi du génotype de leur partenaire. Cette notion est implicite lorsqu'on parle de compatibilité et de résistance. Cependant, la rencontre entre un hôte et son parasite est également sous l'influence des deux génotypes, et de celle-ci dépend la possibilité d'infection. Les interactions entre arbres à feuilles caduques et champignons parasites foliaires obligatoires sont ainsi dépendantes de la synchronisation des cycles de vie (croissance foliaire, sporulation) des deux partenaires. Une particularité de l'interaction entre le chêne et l'oïdium est que tous deux présentent un rythme de vie annuel polycyclique : plusieurs pousses de croissance chez le chêne au cours de la saison, plusieurs cycles d'infection chez l'oïdium. Il en résulte plusieurs phases de rencontres possibles entre l'hôte et son parasite. Nous avons étudié ce système dans deux dispositifs : I) synchronisation phénologique printanière le long d'un gradient altitudinal associé à une forte variation de température et II) synchronisation phénologique intra annuelle dans un site expérimental avec contrôle de la pression d'inoculum et de l'appareillage génétique des chênes.

I) Le long du gradient altitudinal, nous montrons qu'en basse altitude les chênes au débourrement tardif sont plus infectés que les chênes précoces, ceci étant lié à une plus forte ouverture du filtre de rencontre entre le chêne et l'oïdium. Au contraire, en haute altitude il n'y a pas de différence d'ouverture du filtre de rencontre et d'infection entre les chênes précoces et tardifs.

II) Dans l'expérimentation sur les jeunes arbres, le polycyclisme du chêne augmente avec l'exposition à l'infection quel que soit le fond génétique de l'hôte; ce changement phénotypique est favorable à la transmission du parasite mais assure également à la plante une certaine tolérance à l'infection. Ainsi, la phénologie des chênes, en tant que trait épidémiologique, apparaît comme un caractère phénotypique étendu dépendant des génomes du chêne et de son parasite, sur lequel agit la sélection naturelle.

Mots-clés : chêne, oïdium, phénotype étendu, polycyclisme, synchronisation phénologique

Amibes libres et micro-organismes pathogènes.

Marie-Hélène Rodier, Estelle Cateau, Yann Hechard

Laboratoire Ecologie et Biologie des Interactions, UMR CNRS 7267, Equipe
Microbiologie de l'Eau, Université de Poitiers, 1 rue Georges Bonnet, 86022
POITIERS Cedex, France

Les amibes libres sont des protozoaires rencontrés de manière ubiquitaire dans l'eau et le sol. Elles peuvent héberger des micro-organismes pathogènes pour l'homme, ayant ainsi un rôle protecteur et pouvant permettre, aux bactéries en particulier, d'augmenter leur infectiosité et d'acquérir des résistances à certains biocides. Quelques bactéries sont même capables de se multiplier à l'intérieur de ces amibes, comme par exemple *Legionella pneumophila*. La similitude entre la phagocytose amibienne et celle des macrophages fait que des bactéries résistantes aux amibes sont «entraînées» pour être résistantes aux macrophages et donc virulentes pour l'homme.

L. pneumophila phagocytée par les macrophages pulmonaires est capable, comme avec les amibes, de résister à cette phagocytose et de se développer au sein des alvéoles pulmonaires entraînant ainsi une pneumonie. Les amibes sont donc une niche privilégiée pour le développement de *L. pneumophila* et d'autres bactéries pathogènes. D'après nos travaux, ces protozoaires pourraient ainsi permettre le développement dans les réseaux d'eau, en particulier hospitaliers, de bactéries telles que *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii* et *Stenotrophomonas maltophilia*, agents d'infections nosocomiales. Leur survie dans les kystes amibiens peut par ailleurs favoriser leur protection par rapport aux traitements mis en œuvre pour les éradiquer des réseaux d'eau. L'eau des réseaux hospitaliers peut de plus constituer une source potentielle de champignons levuriformes ou filamenteux, en particulier de *Candida* sp, d'*Aspergillus fumigatus*, ou de *Fusarium* sp, impliqués dans certaines infections nosocomiales mortelles et dont le développement peut également être favorisé par la présence des amibes libres.

Compte tenu de leur réservoir commun, la présence d'amibes libres dans les réseaux d'eau hospitaliers devrait être prise en considération dans la lutte contre les infections nosocomiales bactériennes et fongiques.

Mots-clés

amibes libres, interactions, pathogènes, eau

Vers l'identification des gènes féminisants de Wolbachia

Myriam Badawi, Isabelle Giraud, Pierre Grève & Richard Cordaux.

Laboratoire Ecologie et Biologie des interactions UMR CNRS 7267, Equipe Ecologie Evolution Symbiose, Université de Poitiers, 40 Avenue du Recteur Pineau, 86022 Poitiers Cedex, France

Les relations symbiotiques jouent un rôle clef dans l'évolution des organismes. Ainsi, le génotype des symbiotes est capable de modifier le phénotype de son hôte, et vice-versa ; on parle alors de phénotype étendu. Celui des symbioses à Wolbachia est de ce point de vue particulièrement spectaculaire. En effet, cette bactérie endosymbiotique est un parasite de la reproduction capable chez ses hôtes crustacés isopodes terrestres d'induire la féminisation des mâles génétiques en femelles fonctionnelles ou l'incompatibilité cytoplasmique (IC). Bien que décrits depuis des décennies, aucune base génétique moléculaire de ces effets n'est actuellement connue. Afin d'identifier des gènes candidats à la féminisation, nous avons comparé deux génomes de Wolbachia phylogénétiquement proches mais n'induisant pas le même phénotype : la souche féminisante w VulC déjà séquencée (hôte : *Armadillidium vulgare*) et la souche w Con induisant l'IC (hôte : *Cylisticus convexus*). Nous avons d'abord séquencé le génome de w Con. Cependant, le séquençage des génomes de Wolbachia requiert une étape préalable d'enrichissement car c'est une bactérie intracytoplasmique non cultivable et l'ADN de l'hôte est largement majoritaire (>99%). Par broyage puis filtration, nous avons enrichi >300x en ADN de w Con, rendant le séquençage 454 possible. Après assemblage de ce génome (237 contigs, taille totale d'environ 1,7Mb), le développement d'une pipeline bioinformatique nous a permis, en comparant les génomes de w VulC et de w Con, d'identifier 326 gènes candidats à la féminisation. L'étude de l'expression de ces gènes au cours du développement de l'hôte permettra par la suite de les corrélés avec le phénotype féminisant. Ce travail s'inscrit plus globalement dans le projet ERC EndoSexDet dont l'objectif est d'identifier les facteurs génétiques impliqués dans le déterminisme du sexe dans le modèle *A. vulgare*/Wolbachia, contribuant ainsi à évaluer l'impact évolutif des endosymbiotes sur le déterminisme du sexe de leurs hôtes.

Mots-clés

Wolbachia, féminisation, génomique comparative, facteurs de la détermination du sexe

A new immune effector in the mollusc *Biomphalaria glabrata*: Biomphalysin, the first characterized β -pore forming toxin from a lophotrochozoan with anti-schistosomal activity

Richard Galinier^{1,2}, Julien Portela^{1,2}, Yves Moné^{1,2,3}, Jean François Allienne^{1,2}, Hélène Henri³, Stéphane Delbecq⁴, Guillaume Mitta^{1,2}, Benjamin Gourbal^{1,2} and David Duval^{1,2}

¹ CNRS, UMR 5244, Ecologie et Evolution des Interactions (2EI), Perpignan, F-66860, France

² Université de Perpignan Via Domitia, Perpignan, F-66860, France

³ Université de Lyon, F-69000, Lyon ; Université Lyon 1 ; CNRS, UMR5558, Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, F-69622, Villeurbanne, France.

⁴ EA 4558, Vaccination antiparasitaire, Laboratoire de Biologie Cellulaire et Moléculaire UFR Pharmacie, Montpellier, F-34093, France

Aerolysins are virulence factors belonging to the superfamily of β pore forming toxin (β PFT) secreted mostly by bacteria. Few β PFT were identified and characterized in eukaryotic organisms. Recently, we identified a snail putative cytolytic protein able to interact with *Schistosoma mansoni* proteins. We report the molecular cloning and the functional characterization of this novel eukaryotic β PFT from *Biomphalaria glabrata* that we called biomphalysin. The sequence encoding for a 65 kDa protein displays a higher structural analogy with aerolysin toxins despite a weak amino acid sequence similarity. Surprisingly, a phylogenetic approach suggests that biomphalysin gene could originate from an horizontal transfer from bacteria. Its expression is strictly limited to immune competent cells and is not induced by parasite challenges. Using a cell free protein synthesis system, recombinant biomphalysin showed haemolytic activity enhanced by the plasmatic compartment. Its cytotoxicity against *S. mansoni* sporocysts is plasma dependent. *In vitro* binding assay analysed by western blot and immunocytochemistry revealed that biomphalysin binds to parasite membranes. Also, biomphalysin activity is not mediated by proteolytic processing which distinguishes it from aerolysin. These results provide the first functional description of a mollusc immune effector protein involved in parasite killing.

Mots-clés :

immune effector, aerolysin, *Biomphalaria*, *Schistosoma*

Présentation du génome d'*Hamiltonella defensa* MEAM et génomique comparative.

Farnier P.A., Sagot M.F.¹, Vavre F.¹, Milreu P.¹, Silva F.J.², Wang X.³, Mouton L.¹

¹ UMR CNRS 5558,

² Instituto Cavanilles de Biodiversita I Biologia Evolutiva, Valençia Genetica Evolutiva,

³ Institute of Insect Sciences College of Agriculture and Biotechnology Zhejiang University.

Les associations intimes et trans-générationnelles entre insectes et bactéries intracellulaires sont une composante primordiale de leur évolution. On estime que 15% des espèces d'insectes hébergent dans leurs cellules des bactéries mutualistes qui leur apportent des nutriments essentiels. Ces bactéries transmises de mère à descendants sont par définition obligatoires pour l'insecte et sont qualifiées de symbiotes « primaires ». Les insectes hébergent également des symbiotes dits « secondaires », car facultatifs et pouvant être éliminés tout en laissant l'individu hôte viable. Leurs stratégies d'invasion et de maintien dans les espèces d'hôtes vont du mutualisme à la manipulation de la reproduction. L'aleurode *Bemisia tabaci* est un complexe d'espèces cryptiques (= biotypes) polyphages, qui ravagent les cultures notamment en pouvant transmettre plusieurs dizaines de phytovirus différents. L'insecte héberge un symbiote primaire, *Candidatus Portiera aleyrodidarum*, qui lui fournit des métabolites essentiels. À ce jour, six différentes espèces de symbiotes secondaires ont été observées, présentant des prévalences variables et des patrons d'associations préférentielles au sein des différents biotypes. Seuls quelques effets de ces symbiotes ont été démontrés, et les études correspondantes ne prenaient pas en compte l'effet multi-infectionnel. Pour analyser les interactions entre les différentes bactéries, nous avons lancé un projet Génoscope de séquençage du métagénome intracellulaire de deux biotypes invasifs.

Nous présenterons ici les résultats pour le biotype MEAM, qui héberge les symbiotes secondaires *Hamiltonella* et *Rickettsia*. Nous avons commencé par étudier le génome d' *Hamiltonella*. En effet, cette bactérie est présente dans les mêmes cellules que le symbiote primaire, cette situation étant favorable à d'éventuelles complémentations métaboliques. Ayant accès aux génomes de l' *Hamiltonella* du puceron et celle du biotype MED de *Bemisia*, nous avons pu réaliser une étude génomique comparative en mettant l'accent sur les capacités métaboliques et les dispositifs de défense contre les parasitoïdes - capacité d' *Hamiltonella* précédemment observée chez le puceron.

Références bibliographiques :Santos-Garcia et al. 2012, DOI: 10.1128/JB.01793-1 ;, Sloan et al. (2012) Biol Lett.; Sloan DB, Moran (2012) NA.Mol Biol Evol. 29(12):3781-92.

Mots-clés: *Bemisia tabaci*, métagénome intracellulaire, génomique comparative, complémentations métaboliques

Evolution des génomes de champignons du clade *Magnaporthe oryzae / grisea* pathogènes de différentes plantes hôtes

Chiapello H.(1,2), Mallet L.(1,3), Guérin C.(1), Aguilera G.(4), Rodolphe F.(1), Gendraul A.(1), Kreplak J.(3), Amselem J.(3), Ortega-Abboud E.(5), Lebrun M-H.(6), Kroj T.(7), Tharreau D.(5) and Fournier E.(7)

(1) INRA, UR MIG, 78352 Jouy-en-Josas, France(2) INRA, UR BIA, 31326 Castanet-Tolosan, France(3) INRA, URGI, 78026 Versailles, France(4) CRG, Barcelona, Spain(5) CIRAD, UMR BGPI, TA 54K, 34398 Montpellier(6) INRA, UMR BIOGER, 78850 Thiverval-Grignon, France(7) INRA, UMR BGPI, TA 54K, 34398 Montpellier.

Les technologies NGS permettent des avancées considérables dans la caractérisation, à l'échelle génomique, des événements évolutifs et des déterminants génétiques impliqués dans l'adaptation des agents pathogènes à leurs hôtes. Nous abordons cette question pour 9 génomes fongiques du clade *Magnaporthe oryzae/grisea* différenciés pour leur spécificité d'hôte. Ces champignons causent la pyriculariose sur différentes Poacées. Huit isolats de *M. oryzae* (attaquant le riz, la sétaire, l'éleusine ou le blé) et un de *M. grisea* (attaquant la digitale) ont été séquencés. Une prédiction de novo des gènes (Eugene, [1]) et des éléments transposables (REPET, [2]) a été réalisée, ainsi qu'une annotation fonctionnelle (InterProScan, [3]). Quatre génomes possèdent de larges régions génomiques surnuméraires issues d'une bactérie du genre *Burkholderia*, qui ont été quantifiées par une stratégie originale (analyse des signatures tétranucléotidiques, [4]). Pour déterminer les familles de gènes communes et spécifiques aux différents génomes, les protéines prédites dans ces 9 génomes et dans le génome public *M.oryzae* 70-15, ont été comparées et classées en familles (OrthoMCL, [5]). Nous avons obtenu 20443 familles (15326 fongiques), dont 8154 familles contiennent des gènes en copie unique présents dans tous les génomes (core-genome). Chez les champignons, les protéines sécrétées (PS) sont des effecteurs potentiels du processus infectieux. Les gènes de PS ont été prédits dans tous les génomes, puis identifiés dans 2522 familles OrthoMCL (2271 fongiques). Les gènes du core-genome ont été utilisés pour inférer une généalogie de référence. Par une approche de co-inertie multiple [6], nous avons montré que presque toutes les généalogies individuelles des gènes du core-génome sont congruentes avec la généalogie de référence. Nous nous baserons sur cette généalogie pour analyser l'évolution des contenus en gènes et en éléments transposables dans les différentes lignées. Nous testerons aussi la colocalisation entre éléments transposables et gènes (notamment PS), et rechercherons les signatures de sélection.

Références bibliographiques : [1] Schiex et al. 2001., Computational Biology, LNCS 2066, pp. 111-125 ;.[2] Flutre et al. 2011.. Plos One 6(1): e16526.; [3] Quévillon et al. 2005. NAR 33: W116-W120. ; [4] Ménigaud et al. 2012. Bioinformatics 28(9): 1270-1271 ;.[5] Li et al. 2003. Genome Research 13(9): 2178-2189 ; [6] De Vienne et al. 2012.. Molecular Biology and Evolution 29(6):1587-1598.

Mots-clés Génomique, Evolution, Adaptation, Champignons

Genome sequence of the feminizing *Wolbachia* wvulc from the isopod crustacean *Armadillidium vulgare*

Samuel Pichon¹, Sandrine Geniez^{1,6}, Chao. Liu², Lanming Chen², Christine Félix¹, Nicolas Cerveau¹, Sébastien Leclercq¹, Jérôme Lesobre¹, Bouziane Moumen¹, Kostas Bourtzis^{3,4,5}, Roger A. Garrett², Barton E. Slatko⁶, Richard Cordaux¹, Didier Bouchon¹ and Pierre Grève¹

1: Laboratoire Écologie et Biologie des Interactions, Équipe Écologie Évolution Symbiose, UMR CNRS 7267, Université de Poitiers, 40 Avenue du Recteur Pineau, 86022 Poitiers, France ; ²: Department of Molecular Biology, University of Copenhagen, Ole Maaløes Vej 5, 2200 N Copenhagen, Denmark^k; ³: Department of Environmental and Natural Resources Management, University of Western Greece, 30100 Agrinio, Greece and ⁴ Institute of Molecular Biology and Biotechnology, FORTH, 71110 Heraklion, Crete, Greece ; ⁵: Insect Pest Control Laboratory, Joint FAO/IAEA Programme of Nuclear Techniques in Food and Agriculture, Vienna, Austria; ⁶: New England Biolabs, Inc. Ipswich, MA 01938, USA

Wolbachia are obligate intracellular alpha-Proteobacteria that infect filarial nematodes and many arthropod species including crustaceans. A recent survey showed that 47% of isopod species tested are infected, a prevalence that reached 61% when only terrestrial isopods were considered. In isopod hosts, *Wolbachia* mainly induce feminization of genetic males. Molecular mechanisms involved in the manipulations of host reproduction are still unknown. As *Wolbachia* endosymbionts are uncultivable bacteria, comparative genomics represents a particularly useful alternative for deciphering how *Wolbachia* interact with their hosts. The ability of *Wolbachia* to induce so many different phenotypes may depend on its ability to secrete virulence factors which are either displayed on the bacterial cell surface or secreted in the host cytoplasm. Here we report the analysis of the 1,663,852 bp genome sequence of the *Wolbachia* strain wVulC which infects the isopod crustacean *Armadillidium vulgare*. This represents the first genome sequence of a *Wolbachia* strain inducing feminization. The analysis of the wVulC genome sequence revealed the existence of 6 different secretion/export systems and numerous putative translocated effectors. We also showed that these systems are present in all *Wolbachia* genomes sequenced to date. Furthermore, wVulC encodes a complete biotin biosynthesis pathway, which suggests a putative role of the bacteria in host nutrition and/or in the increase of host fitness. We extended this work by sequencing 6 other isopod *Wolbachia* strains. We thus devised a parallel strategy to an earlier array-based method by creating a set of SureSelect™ (Agilent) 120-mer target enrichment RNA oligonucleotides (“baits”) for solution hybrid selection. DNA eluted from capture was sequenced using the HiSeq™ 2000 (Illumina) and will be used for studies that examine the biology of symbiosis. Preliminary results demonstrated that this method can be used to enrich target DNA from unculturable microbes over large evolutionary distances.

Mots-clés: feminization, biotin pathway, mobile element, secretion system, bacterial effectors, NextGen sequencing, DNA capture, SureSelect™

Thioester containing proteins (TEP) et homologues du système du complément chez les bivalves marins, diversité et rôle dans l'immunité.

Mickael Perrigault¹, Bassem Allam² et Christine Paillard¹

¹LEMAR CNRS/IRD/UBO UMR 6539, Institut Universitaire Européen de la Mer, Place Nicolas Copernic, 29280 PLOUZANÉ

²School of Marine and Atmospheric Sciences, Stony Brook University, Stony Brook, USA.

Le système du complément tel qu'il existe chez les vertébrés est constitué de plus de 30 protéines sériques et membranaires dont des protéines thioester (TEP) qui constituent notamment l'élément central du système de défense. Chez les vertèbres, le système du complément représente un aspect important de l'immunité en créant notamment un lien entre l'immunité innée (activation du système du complément par la voie lectine) et l'immunité adaptative (activation de la voie classique par les anticorps). Jusqu'à récemment, l'existence d'homologues des TEP et des protéines impliquées dans le système du complément étaient supposées absentes chez les protostomes. Cependant, le développement des outils de génomiques, transcriptomiques et protéomiques ont permis une forte augmentation des données moléculaires et la mise en évidence (1) de protéines TEP impliquées dans l'immunité des invertébrés, (2) l'existence d'une diversité de ces molécules ainsi que d'autres homologues du système du complément, (3) la présence d'un système « primitif du complément » chez certains crustacés.

Les travaux initiés chez les bivalves marins ont montré l'implication des TEP dans la réponse de certains bivalves (*mercenaria mercenaria*) vis à vis du parasite eucaryote QPX (Quahog parasite Unknown) ainsi qu'une très grande diversité des TEP et homologues du complément chez certains de ces organismes (*Ruditapes* sp.).

La caractérisation de ces protéines ainsi que la compréhension de leur rôle dans les mécanismes de défense chez les bivalves permettrait de mettre en évidence un aspect essentiel et méconnu de l'immunité de ces organismes.

Analyse fonctionnelle des gènes différentiellement exprimés dans l'association *Wolbachia* – *Armadillidium vulgare*.

**Bouchon Didier¹, Moné Yves², Carpentier Marie-Christine², Vavre Fabrice²,
Braquart-Varnier Christine¹, Grève Pierre¹, Chevalier Frédéric¹**

¹Ecologie et Biologie des Interactions, équipe Ecologie, Evolution, Symbiose, UMR CNRS 7267, Université de Poitiers, Poitiers 86022, France

²UMR5558, Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, F-69622, Villeurbanne, France

Il est désormais admis que la symbiose constitue un fait biologique ubiquiste dans le monde vivant. Les interactions durables qui en résultent, qu'elles soient conflictuelles ou mutualistes, sont l'une des forces évolutives majeures des organismes. Dans ce cadre, il apparaît clair que le phénotype d'un organisme d'un individu est la résultante de l'expression d'une communauté de génomes. Afin de mieux comprendre l'interaction *Wolbachia-Armadillidium vulgare* une analyse des transcriptomes obtenus par séquençage haut débit (RNA-Seq) a été entreprise sur différents tissus (animaux entiers, ovaires et hémocytes) d'individus, challengés ou non, infectés ou non par deux souches de *Wolbachia* (*wVulC* et *wVulM*). La technologie RNA-Seq (Sultan *et al.* Science 2008) permet d'analyser la population totale des transcrits exprimés dans un tissu donné avec le double avantage d'apporter des informations qualitatives et quantitatives sur des systèmes biologiques jusque-là inaccessibles. Ainsi, l'identification de gènes différentiellement exprimés entre ces différentes conditions a permis de mettre en évidence des mécanismes communs et spécifiques. Ce travail rentre dans le cadre plus large du projet **ImmunSymbArt** dont l'objectif est d'identifier les « gènes de la symbiose » à partir d'une analyse comparative globale entre quatre modèles d'association bactéries/arthropodes, couvrant tous les types d'interactions possibles le long du continuum parasitisme-mutualisme.

Liste et adresse des participants

Prénom	Nom	Email	Page résumé	Adresse		
Audrey	Andanson	audrey.andanson@pierroton.inra.fr		UMR BioGeCo, INRA-Bordeaux Domaine de Pierroton 69 route d'Arcachon	33612	Cestas cedex
Myriam	Badawi	myriam.badawi@univ-poitiers.fr	22	UMR CNRS 7267 40 avenue du recteur pineau	86022	Poitiers Cedex
Sophie	Beltran	sophie.beltran@univ-poitiers.fr	17	Laboratoire EBI, UMR CNRS 7267 Bât. B8 40, avenue du Recteur Pineau	86022	Poitiers cedex
Sévérine	Bord	severine.bord@clermont.inra.fr	8	UR Epidémiologie Animale Theix	63122	Saint Genès Champanelle
Didier	Bouchon	didier.bouchon@univ-poitiers.fr	25	Laboratoire EBI, UMR CNRS 7267 Bât. B8 40, avenue du Recteur Pineau	86022	Poitiers cedex
Carine	Brouat	carine.brouat@ird.fr	13	IRD 43 bd du 11 novembre 1918	69622	Villeurbanne
Sébastien	Cambier	sebastien.cambier@univ-tours.fr	11	IRBI Parc Grandmont - avenue Monge	37200	Tours
Estelle	Cateau	estelle.cateau@chu-poitiers.fr		Faculté de médecine-Pharmacie rue de la Milétrie	86034	Poitiers cedex
Yves	Caubet	yves.caubet@univ-poitiers.fr	1	UMR CNRS 7267 Av. Recteur Pineau	86022	Poitiers cedex
Aurélien	Chateigner	aurelien.chateigner@gmail.com	5	IRBI Parc Grandmont - avenue Monge	37200	Tours

Germain	Chevignon	g.chevignon@gmail.com	19	IRBI Parc Grandmont - avenue Monge	37200	Tours
Christine	Chevillon	christine.chevillon@ird.fr	12	MIVEGEC, IRD 911, avenue agropolis	34394	Montpellier
Roselyne	Corbière	Roselyne.Corbiere@rennes.inra.fr		UMR IGEPP BP 35327	35653	LE RHEU
Richard	Cordaux	richard.cordaux@univ-poitiers.fr		Université de Poitiers - UMR CNRS 7267 EBI 40 Avenue du Recteur Pineau	86022	Poitiers cedex
Quentin	Coulette	quentin.coulette@u-picardie.fr	14	Université de Picardie - Jules Verne 33 rue Saint Leu	89039	Amiens
Cécile	Dantec	cecile.dantec@pierroton.inra.fr	20	UMR BioGeCo, INRA-Bordeaux Domaine de Pierroton 69 route d'Arcachon	33612	Cestas cedex
Isabelle	Darboux	darboux@supagro.inra.fr	18	UMR 1333 INRA - Université Montpellier II place eugene bataillon bât 24	34095	Montpellier
Chloe	Delmas	chloedelmas@gmail.com		UMR 1065 SAVE BP 81 - 71, avenue E.Bourlaux	33883	Villenave d'Ornon
Francois	Delmotte	Francois.Delmotte@bordeaux.inra.fr		UMR 1065 SAVE BP 81 - 71, avenue E.Bourlaux	33883	Villenave d'Ornon
Marie-Laure	Desprez-Loustau	loustau@bordeaux.inra.fr		UMR BioGeCo, INRA-Bordeaux Domaine de Pierroton 69 route d'Arcachon	33612	Cestas cedex
Nolwenn	Dheilly	nolwenn.dheilly@univ-perp.fr	20	Université de Perpignan Via Domitia 52 Avenue paul Alduy	66860	Perpignan

Jean-Michel	Drezen	drezen@univ-tours.fr	18	IRBI Parc Grandmont - avenue Monge	37200	Tours
Aurore	Dubuffet	aurore_dubuffet@yahoo.fr	11, 15	UMR CNRS 6282 BioGéoSciences Université de Bourgogne, 6 bd Gabriel	21000	Dijon
Cyril	Dutech	cdutech@bordeaux.inra.fr		UMR BioGeCo, INRA-Bordeaux Domaine de Pierroton 69 route d'Arcachon	33612	Cestas cedex
David	Duval	david.duval@univ-perp.fr	22	Université de Perpignan Via Domitia 52 Avenue paul Alduy	66860	Perpignan
Pierre-Antoine	Farnier	paftb@hotmail.com	23	UMR CNRS 5558 LBBE 43 bd du 11 novembre 1918	69622	Villeurbanne
Simon	Fellous	simon.fellous@supagro.inra.fr	6	Centre de Biologie et Gestion des Populations, Campus international de Baillarguet, CS 30 016	34398	Montferrier sur lez
Sara	Fneich	sara.fneich@univ-perp.fr	16	laboratoire 2EI, Université de Perpignan Via Domitia 52 Avenue Paul Alduy	66860	Perpignan
Xavier	Foissac	foissac@bordeaux.inra.fr	9	UMR BFP 1332 BP 81 - 71, avenue E.Bourlaux	33883	Villenave d'Ornon
Elisabeth	Fournier	elisabeth.fournier@supagro.inra.fr	23	UMR BGPI TA A 54/K, Campus International de Baillarguet	34398	Montpellier
Rémy	Froissart	remy.froissart@montp.cnrs.fr		UMR CNRS-IRD MIVEGEC	34000	Montpellier
Lise	Genty	lise.marie.genty@univ-poitiers.fr	16	Laboratoire EBI, UMR CNRS 7267 Bât. B8 40, avenue du Recteur Pineau	86022	Poitiers cedex

Sylvie	German Retana	german@bordeaux.inra.fr		Virologie UMR BFP 1332 BP 81 - 71, avenue E.Bourlaux	33883	Villenave d'Ornon
Mathieu	Gonnet	mgonnet@clermont.inra.fr	19	UR Epidémiologie Animale Theix	63122	Saint Genès Champanelle
Pierre	Grève	pierre.greve@univ-poitiers.fr	24	Laboratoire EBI, UMR CNRS 7267 Bât. B8 40, avenue du Recteur Pineau	86022	Poitiers cedex
Frédéric	Labbé	frederic.labbe@pierroton.inra.fr		UMR BioGeCo, INRA-Bordeaux Domaine de Pierroton 69 route d'Arcachon	33612	Cestas cedex
Carole	Lambert	carolambert@hotmail.fr		GESVAB 210 chemin de leysotte	33882	Villenave d'Ornon
Brigitte	Lung	lung@bordeaux.inra.fr		UMR BioGeCo, INRA-Bordeaux Domaine de Pierroton 69 route d'Arcachon	33612	Cestas cedex
Nicolas	Mariette	Nicolas.Mariette@rennes.inra.fr		UMR IGEPP Domaine de la Motte	35653	Le Rheu
Christine	Meynard	Christine.Meynard@supagro.inra.fr	9	Centre de Biologie et Gestion des Populations, Campus international de Baillarguet, CS 30 016	34398	Montferrier sur lez
Karine	Monceau	karine.monceau@bordeaux.inra.fr	10	UMR 1065 SAVE BP 81 - 71, avenue E.Bourlaux	33883	Villenave d'Ornon
Yves	Moné	yves.mone@univ-lyon1.fr	13	Biométrie et Biologie Evolutive, UMR CNRS 5558 Université Lyon 1, 16 rue Raphael DUBOIS	69622	Villeurbanne
Maria	Navajas	navajas@supagro.inra.fr		Centre de Biologie et Gestion des Populations, Campus International de Baillarguet CS 30 016	34398	Montferrier-sur-Lez

Christine	Paillard	paillard@univ-brest.fr	24	LEMAR, IUEM-UBO Technopôle Brest-Iroise		Plouzané
Daciana	Papura	daciana.papura@agro-bordeaux.fr		UMR 1065 SAVE BP 81 - 71, avenue E.Bourlaux	33883	Villenave d'Ornon
Michael	Perrigault	mike.perrigault@gmail.com		LEMAR, IUEM-UBO Technopôle Brest-Iroise		Plouzané
Dominique	Piou	dominique.piou@pierroton.inra.fr		UMR BioGeCo, INRA-Bordeaux Domaine de Pierroton 69 route d'Arcachon	33612	Cestas cedex
Mathilde	Poyet	mathilde.poyet@etu.univ-lyon1.fr	6	UMR CNRS 5558 LBBE 43 bd du 11 novembre 1918	69622	Villeurbanne
Geneviève	Prevost	genevieve.prevost@u-picardie.fr		Université de Picardie - Jules Verne 33 rue Saint Leu	89039	Amiens
Freddie-Jeanne	Richard	freddie.jeanne.richard@univ-poitiers.fr		Université de Poitiers 40 avenue du Recteur Pineau	86022	Poitiers cedex
Thierry	Rigaud	thierry.rigaud@u-bourgogne.fr		UMR CNRS 6282 BioGéoSciences Université de Bourgogne, 6 bd Gabriel	21000	Dijon
Cécile	Robin	robin@bordeaux.inra.fr		UMR BioGeCo, INRA-Bordeaux Domaine de Pierroton 69 route d'Arcachon	33612	Cestas cedex
Marie-Hélène	Rodier	m.h.rodier@chu-poitiers.fr	21	Faculté de médecine-Pharmacie rue de la Milétrie	86034	Poitiers cedex
Mélanie	Rouxel	melanie.rouxel@bordeaux.inra.fr	7	UMR 1065 SAVE BP 81 - 71, avenue E.Bourlaux	33883	Villenave d'Ornon

Ivan	Sache	ivan.sache@versailles.inra.fr	8	INRA BIOGER-CPP Avenue Lucien Brétignère	78850	Thiverval-Grignon
Valérie	Schurdi-Levraud	vschurdi@bordeaux.inra.fr		UMR BFP, Université Bordeaux Ségalen BP 81 - 71, avenue E.Bourlaux	33883	Villenave d'Ornon
Mathieu	Sicard	mathieu.sicard@univ-poitiers.fr	17	Univesité de Poitiers 40, avenue du recteur Pineau	86022	Poitiers cedex
Maud	Sorel	msorel@bordeaux.inra.fr	12	Virologie UMR BFP 1332 BP 81 - 71, avenue E.Bourlaux	33883	Villenave d'Ornon
Frédéric	Suffert	fsuffert@grignon.inra.fr	5	INRA BIOGER-CPP Avenue Lucien Brétignère	78850	Thiverval-Grignon
Charlotte	Tollenaere	charlotte.tollenaere@ird.fr		IRD 911, avenue agropolis	34394	Montpellier
Corinne	Vacher	corinne.vacher@pierroton.inra.fr		UMR BioGeCo, INRA-Bordeaux Domaine de Pierroton 69 route d'Arcachon	33612	Cestas cedex
Flavie	Vanlerberghe	flavie.vanlerberghe@supagro.inra.fr		Centre de Biologie et Gestion des Populations, Campus international de Baillarguet, CS 30 016	34398	Montferrier sur lez
Anne	Zuereb	xuereb@supagro.inra.fr		Centre de Biologie et Gestion des Populations, Campus international de Baillarguet, CS 30 016	34398	Montferrier sur lez