

# Domestication virale chez les insectes parasitoïdes du Costa Rica

Les insectes parasitoïdes sont des organismes dont la progéniture se développe en parasite d'autres insectes. Leurs œufs sont typiquement injectés dans le corps d'une larve hôte et se trouvent alors exposés à son système immunitaire. Face à cette pression immunitaire, certains parasitoïdes ont développé une stratégie originale: ils ont intégré dans leur génome des gènes d'origine virale, permettant aux femelles de protéger efficacement leur progéniture, en injectant avec les oeufs des facteurs de virulence, c'est-à-dire inhibiteurs du système immunitaire de l'hôte.

L'analyse phylogénétique de ces interactions avec des virus révèle un cas frappant de convergence évolutive, puisque cinq événements indépendants de domestication de virus ont été documentés jusque là (Gauthier *et al.*, 2018, Di Giovanni *et al.*, 2020). Tous impliquent des parasitoïdes appartenant à l'ordre des Hyménoptères. Bien que ces 5 cas concernent collectivement plusieurs milliers d'espèces, celles-ci ne représentent finalement qu'une faible proportion de l'extraordinaire diversité des Hyménoptères parasitoïdes (Peters *et al.*, 2017). L'hypothèse d'autres événements analogues reste donc à explorer, afin de mieux comprendre la contribution de ces symbioses à l'évolution et à la diversification du mode de vie parasitoïde. C'est tout l'objet de ce stage.

Dans le cadre projet de recherche HORIZON financé par l'ANR, nous avons séquencé les génomes de 117 espèces d'Hyménoptères parasitant des Lépidoptères collectés dans la réserve naturelle de Guanacaste, au Costa-Rica. Parmi elles, certaines appartiennent à des clades connus pour héberger des gènes d'origine virale (ex: 58 espèces appartiennent au complexe des Microgastrinae dont l'ancêtre a domestiqué un nudivirus il y a environ 100 millions d'années), mais également des espèces appartenant à des clades pour lesquels aucune information ni ressource génomique n'était disponible auparavant (ex: Cremastinae, Ichneumoninae, Ophioninae, Mesochorinae, Metopiinae, n= 22 espèces). Cet échantillon d'espèces comprend par ailleurs 78 espèces de parasitoïdes appartenant à l'ordre des Diptères : les Tachinaires. Bien que très éloignés phylogénétiquement des Hyménoptères, ils sont exposés aux mêmes contraintes que leurs "homologues" Hyménoptères, si bien que l'hypothèse de convergence évolutive demande à être testée.

L'objectif du stage sera donc de rechercher, à partir des données génomiques, de possibles nouveaux événements de domestication virale. Ceci impliquera d'adapter un protocole bioinformatique déjà existant, pour analyser ce nouveau jeux de données. Dans un premier temps, les loci potentiellement "viraux" seront identifiés par des approches reposant sur la recherche de similarité de séquences (blast). Afin de s'assurer qu'ils ne proviennent pas de virus libres, l'étudiant-e s'appuiera sur des données concernant leur environnement génomique (notamment la présence de gènes eucaryotes à proximité) ainsi que des caractéristiques des scaffolds (notamment en termes de couverture/profondeur). Des reconstructions phylogénétiques et de inférences de dN/dS nous informerons ensuite plus finement sur l'histoire évolutive de ces loci pour finalement identifier les évènements de domestication (qui pourront concerner un ensemble de gènes).

Le stage se déroulera au laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive (LBBE - UMR 5558 - CNRS - Université Lyon 1)) au sein de l'équipe Génétique et Evolution des Interactions et sera intégralement bioinformatique. Les données sont déjà disponibles.

L'encadrement sera assuré par Julien Varaldi et Sylvain Charlat, avec la participation de Benjamin Guinet, auteur du pipeline d'analyse qui servira de base à ce travail.

contact : julien.varaldi@univ-lyon1.fr, sylvain.charlat@univ-lyon1.fr

## Références

- Di Giovanni, D., D. Lepetit, B. Guinet, B. Bennetot, M. Boulesteix, Y. Couté, O. Bouchez, M. Ravallec, and J. Varaldi (2020). A Behavior-Manipulating Virus Relative as a Source of Adaptive Genes for *Drosophila* Parasitoids. *Molecular Biology and Evolution* 37(10), pp. 2791–2807. ISSN: 0737-4038.
- Gauthier, J., J.-M. Drezen, and E. A. Herniou (2018). The Recurrent Domestication of Viruses: Major Evolutionary Transitions in Parasitic Wasps. *Parasitology* 145(6), pp. 713–723. ISSN: 0031-1820, 1469-8161.
- Peters, R. S. *et al.* (2017). Evolutionary History of the Hymenoptera. *Current biology: CB* 27(7), pp. 1013–1018. ISSN: 1879-0445.