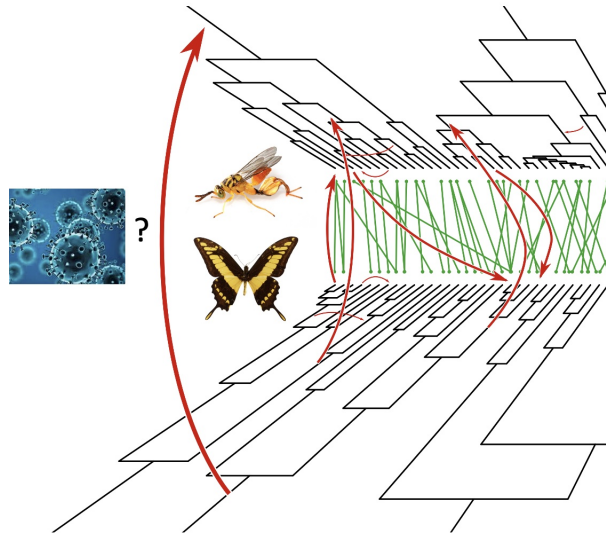


Contribution des virus aux transferts horizontaux entre insectes d'une communauté tropicale



Bien que les transferts horizontaux aient pendant longtemps été considérés comme l'apanage des procaryotes, on sait depuis quelques années que les eucaryotes peuvent être également concernés. Certaines lignées eucaryotes ont par exemple acquis des gènes provenant de microorganismes les infectant (virus, bactéries), ce qui a pu donner lieu dans un certain nombre de cas à des innovations génétiques majeures. De plus, des résultats récents indiquent que des eucaryotes parfois très éloignés peuvent partager des séquences extrêmement proches, suggérant ainsi des transferts horizontaux chez ces organismes. Ces échanges d'ADN ont pu se produire directement entre les espèces concernées, ou, plus vraisemblablement via des vecteurs. Parmi les vecteurs auquel on peut penser, les virus constituent de sérieux candidats étant donné leur capacité de "spillover" ("débordement" d'une espèce vers une autre). Le présent projet vise à tester cette hypothèse sur un large jeu de données impliquant des insectes en étroite interaction.

Le système biologique étudié implique des insectes parasitoïdes appartenant aux ordres des Hyménoptères et des Diptères, ainsi que leurs hôtes Lépidoptères. L'ensemble de ces insectes ont été collectés dans une réserve naturelle au Costa Rica où les connexions écologiques ont été bien établies par des études de terrain. Nous avons séquencé 250 génomes appartenant à cette communauté (125 parasitoïdes et 125 hôtes). Nous sommes actuellement en train de finaliser la détection des transferts horizontaux entre toutes les espèces de ce système. Différents facteurs susceptibles d'expliquer ces transferts horizontaux sont actuellement en train d'être testés (la connexion écologique, la présence de virus domestiqués). Le projet de M2 visera à compléter ces analyses en cherchant à inférer le partage de virus entre ces lignées d'insecte. On sait que les infections virales donnent régulièrement lieu à des événements "endogénéisation" de tout ou partie de leur matériel génétique dans le génome de leurs hôtes. Ainsi, nous utiliserons la présence de ces "EVEs" (Endogenous Viral Elements) pour inférer les infections passées. Ce faisant nous pourrions établir le partage de virus entre lignées d'insectes parfois éloignées. Ces données nous permettront ensuite de tester la corrélation entre les flux d'ADN horizontal (actuellement en

cours d'analyse) et l'intensité du partage de virus (inféré à travers le partage d'EVEs). Ce travail reposera exclusivement sur les analyses bioinformatiques des jeux de données déjà obtenus.

Profil recherché : un.e étudiant.e motivé par les questions évolutives et ayant une appétence pour la bioinformatique (environnement Linux, bash, python, R).

Encadrement et contact: Ce travail sera encadré par Julien Varaldi (MCU Univ. Lyon 1) et Sylvain Charlat (CR CNRS) au sein du Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive (LBBE UMR CNRS 5558).

sylvain.charlat@univ-lyon1.fr

julien.varaldi@univ-lyon1.fr