



HAL
open science

Amélioration génétique des auxiliaires de lutte biologique: Intérêt de l'hybridation intraspécifique chez *Trichogramma chilonis*

Chiara Benvenuto, Nicolas Ris, Nathalie Sorbier, ETTY Colombel, Sylvie Warot, Xavier Fauvergue, Elisabeth Tabone

► To cite this version:

Chiara Benvenuto, Nicolas Ris, Nathalie Sorbier, ETTY Colombel, Sylvie Warot, et al.. Amélioration génétique des auxiliaires de lutte biologique: Intérêt de l'hybridation intraspécifique chez *Trichogramma chilonis*. 16ème Colloque de Biologie de l'Insecte - CBI-2010, Oct 2010, Lyon, France. 126 p., 2010, CBI2010. hal-02753222

HAL Id: hal-02753222

<https://hal.inrae.fr/hal-02753222v1>

Submitted on 3 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.

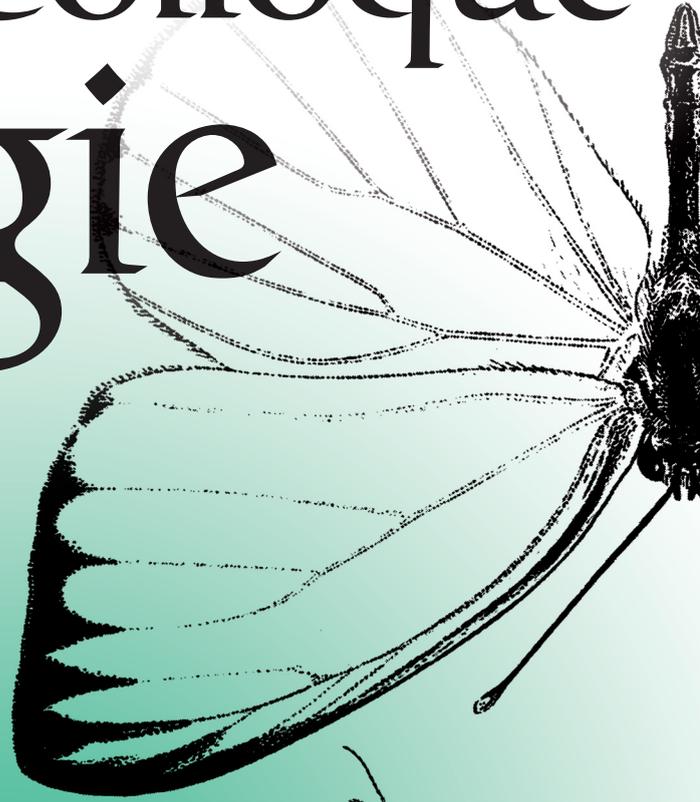
L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

CBi 2010

16^e Colloque

Biologie de l'Insecte

Lyon - 18 au 20 octobre 2010



*Physiologie et Développement
Génomés, Phylogénie et Évolution
Écologie et Évolution
Bioingénierie de l'Insecte et Valorisation
Biologie des Interactions*

CBI 2010



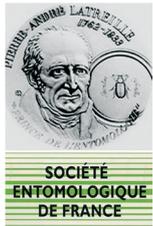
Lyon
18-20 octobre 2010





Lyon - 18 au 20 octobre 2010

Remerciements à nos partenaires pour leur soutien :



**Société entomologique
de France**
(www.lasef.org)



Université de Lyon
(www.universite-lyon.fr)



**Institut national des sciences
appliquées de Lyon**
(www.insa-lyon.fr)



**Institut national de la
recherche agronomique**
(www.inra.fr)



**Université Claude Bernard
Lyon 1**
(www.univ-lyon1.fr)



**IFR Bio-Environnement
et Santé**
(ifr41.univ-lyon1.fr)



**UMR Biologie fonctionnelle
insectes et interactions**
(bf2i.insa-lyon.fr)



Biotop
(www.biotop.fr)



Bayer CropScience
(www.bayercropscience.com)



Dominique Dutscher SAS
(www.dutscher.com)



Ville de Lyon
(www.lyon.fr)



Région Rhône-Alpes
(www.rhonealpes.fr)

Sommaire

Programme détaillé	7
Résumés des communications invitées	13
Résumés des communications orales	21
Résumés des posters	67
Comité scientifique	111
Comité d'organisation	112
Liste des participants	113

Notes

A series of horizontal dashed lines for taking notes, spanning most of the page width.

Programme détaillé



Lundi 18 octobre (matinée)

7:30 Réception (accueil des participants / mise en place des posters)

9:15-9:30 Ouverture du colloque

9:30-11:00 Session "Physiologie et Développement"

Modératrice : Federica Calevro (INSA, Lyon)

9:30-10:00 Conférence invitée inaugurale :

I.01- R.G. Vogt. Independent evolution of input and output components of sensory pathways – comparisons of the pheromone detection elements of moths and flies p 15

10:00-11:00 Communications orales :

O.01- E. Darrouzet, M. Labédan, A-G. Bagnères, J-P. Christidès. Régulation hormonale de la signature chimique lors de la différenciation des castes chez le termite européen *Reticulitermes flavipes* p 25

O.02- R.B. Barrozo, D. Jarriault, S. Anton, C. Gadenne. Post-mating sexual abstinence in a male moth: Smell, Sex, and Stop ! p 26

O.03- E. Poivet, C. Monsempes, N. Glaser, D. Rochat, F. Marion-Poll, E. Jacquin-Joly. Un doctorat, deux antennes, trois sensilles : étude des capacités olfactives des chenilles de lépidoptères p 27

11:00-11:25 Pause

11:25-12:45 Session "Physiologie et Développement" suite

Modérateur : Christophe Gadenne (INRA, Versailles)

11:25-12:45 Communications orales :

O.04- H. Colinet, Siu Fai Lee, A. Hoffmann. La réponse moléculaire au stress hypothermique chez la Drosophile p 28

O.05- A. Algazeery, R. Meyer, M. Capri, O. Aït-Ahmed. Défauts de méiose et parthénogenèse chez un mutant de *Drosophila melanogaster* portant la mutation V478E sur la Yemanucléine-alpha (Yem-alpha) p 29

O.06- F. Legeai, L. Ratié, G. Rizk, T. Walsh, O. Edwards, K. Gordon, D. Lavenier, N. Leterme, A. Méreau, J. Nicolas, D. Tagu, S. Jaubert-Possamai. Functional analyses of microRNAs during the switch of reproduction mode in the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum* p 30

O.07- A. Rabatel, G. Febvay, K. Gaget, G. Duport, Y. Rahbé, H. Charles, F. Calevro, S. Colella. Caractérisation transcriptomique du développement embryonnaire et larvaire du puceron du pois *Acyrtosiphon pisum* p 31

12:45-14:30 Repas

Lundi 18 octobre (après-midi)

14:30-16:00 Session "Bioingénierie de l'Insecte et Valorisation"

Modérateur : Philippe Giordanengo (Université de Picardie Jules Verne, Amiens)

14:30-15:00 Conférence invitée :

I.02- H. Czosnek. Functional genomics to decipher whitefly-virus-plant interactions p 16

15:00-16:00 Communications orales :

O.08- F. Gressent, C. Chouabe, M. Le Gleuher, I. Rahioui, P. Da Silva, M. Van Munster, C. Royer, D. Pauron. Mécanisme d'action de PA1b, une entomotoxine d'origine végétale p 32

O.09- S. Servier, M.H. Sauge, G. Febvay, M.N. Corre, C. Croset, J.P. Lacroze, Y. Rahbé, J-L. Poëssel. Étude du mode d'action des acides dicaféoylquiniques, molécules naturelles aphicides p 33

O.10- E. Pondeville, A. Bisson, J-C. Jacques, J. Sautereau, P. Eggleston, C. Bourgouin. Development of a novel and efficient transformation system in *Anopheles gambiae* for functional analysis of *Plasmodium falciparum* - *Anopheles* interactions p 34

16:00-16:20 Pause

16:20-17:40 Session "Bioingénierie de l'Insecte et Valorisation" suite

Modératrice : Nathalie Volkoff (INRA, Montpellier)

16:20-17:40 Communications orales :

O.11- H. Mouret, C. Sabah, F. Vyghen, L. Guilbaud, C. Visage, B. Vaissière. URBANBEES, un programme européen LIFE pour valoriser la biodiversité des abeilles en ville p 35

O.12- B. Frérot, L. Ollivier. Mutualisme et pollinisation par duperie olfactive : cas du palmier à huile et des *Elaeidobius* spp. p 36

O.13- M. Augé, R. Sforza. Suivi spatio-temporel de *Chrysochus asclepiadeus* (Col. Chrysomelidae), un candidat pour le contrôle biologique des domptes-venin (Apocynaceae) p 37

O.14- E. Tabone, E. Roux, R. Goebel, E. Colombel, C. Clain, M. Marquier, J. Frandon, J. Bodendörfer, A. Bonnet, H. Do Thi Khanh. Une stratégie efficace de lutte biologique en combinant lâchers inondatifs et conservation p 38

17:40-18:30 Pause / Séance posters

(les posters resteront accessibles durant tout le colloque) p 67

18:30-19:30 Assemblée de la "communauté Insecte"

Animateurs : Emmanuel Desouhant (Université Claude Bernard Lyon 1, Lyon) , Gérard Febvay (INRA, Lyon), Yvan Rahbé (INRA, Lyon)

Réflexion et discussion sur l'avenir ...

Soirée libre

Mardi 19 octobre (matinée)

8:30-10:40 Session "Écologie et Évolution"

Modérateur : Vincent Fourcassié (CNRS, Toulouse)

8:30-9:00 Conférence invitée :

- I.03- L. Keller.** Ant behavior is modulated by complex interactions between genes and social environment p 17

9:00-10:40 Communications orales :

- O.15- J. Meunier, M. Chapuisat, O. Delémont, C. Lucas.** Recognition in ants: when social origin matters p 39
- O.16- D. Charabidze, V. Hedouin, D. Gosset.** Étude du comportement grégaire chez les larves de *Lucilia sericata* (Diptera Calliphoridae) p 40
- O.17- B. Chouquet, F. Chardonnet, B. Le Rü, C. Capdevielle-Dulac, J-F. Silvain, L. Kaiser.** Le gène *for* ferait-il des ravages ! p 41
- O.18- R. Poupardin, M.A. Riaz, J. Vontas, J-P. David, S. Reynaud.** Transcription profiling of eleven cytochrome P450s potentially involved in xenobiotic metabolism in the mosquito *Aedes aegypti* p 42
- O.19- G. Gimonneau, M. Pombi, J. Bouyer, M. Choisy, A. Diabate, S. Morand, C. Costantini, F. Simard.** Étude de la ségrégation et de l'adaptation environnementale chez deux espèces naissantes d'Anophèles au Burkina Faso p 43

10:40-11:05 Pause

11:05-12:45 Session "Écologie et Évolution" suite

Modératrice : Laure Kaiser (INRA, Gif-sur-Yvette)

11:05-12:45 Communications orales :

- O.20- L. Froissart, S. Sauzet, E. Desouhant.** La distribution spatiale des ressources façonne-t-elle la dynamique de la mémoire ? *Venturia canescens* sur le gril p 44
- O.21- P-F. Péliisson, M-C. Bel-Venner, F. Menu, S. Venner.** Coexistence d'insectes phytophages et partitionnement temporel de l'exploitation d'une ressource pulsée p 45
- O.22- E. Delava, P. Gibert, D. Charif, R. Allemand, F. Fleury.** Changement climatique et adaptation : réponse des populations d'un Hyménoptère parasitoïde à différents régimes de température p 46
- O.23- N. Sauvion, J. Peccoud, D. Pleydel, V. Marie-Jeanne, P. Limon, J. Peyre, G. Labonne.** Apport de la biologie évolutive à la compréhension d'une épidémie : le cas d'un pathosystème psylle / phytoplasme / *Prunus* p 47
- O.24- B. Kaufmann, M. Demarcy, M. Amiez, F. Piola.** Impacts croisés de 2 espèces invasives mutualistes sur des communautés indigènes : l'exemple des renouées invasives (*Fallopia* spp.) et de la fourmi *Lasius neglectus* p 48

12:45-14:15 Repas

Mardi 19 octobre (après-midi)

14:15-16:05 Session "Génomes, Phylogénie et Évolution"

Modérateur : Jean-Michel Drezen (CNRS, Tours)

14:15-14:45 Conférence invitée :

- I.04- E. Jouselin.** Évolution de l'alternance d'hôte et son influence sur la spéciation chez un genre de pucerons : approche phylogénétique dans le genre *Brachycaudus* p 18

14:45-16:05 Communications orales :

- O.25- S. Guyot, J. Bertaux, A-G. Bagnères, D. Bouchon, F. Dedeine.** Pourquoi les symbioses termites – flagellés sont-elles évolutivement instables ? ... p 49
- O.26- E. d'Alençon, H. Sezutsu, F. Legeai, E. Permal, S. Stanojcic, N. Nègre, S. Bernard-Samain, M. Shimomura, S. Gimenez, C. Gagneur, F. Cousserans, B. Allassoeur, A. Léger¹, A. Abd-Alla, S. Juliant, A. Brun-Barale, T. Flutre, A. Couloux, P. East, K. Gordon, K. Mita, H. Quesneville, R. Feyereisen, P. Fournier.** Plasticité des génomes holocentriques d'insectes p 50
- O.27- A. Bonin, M. Paris, G. Tetreau, J-P. David, L. Després.** Résistance à l'insecticide bactérien *Bacillus thuringiensis* var. *israelensis* : criblage génomique et identification d'un gène candidat chez le moustique *Aedes aegypti* p 51
- O.28- V. Jouan, S. Urbach, M. Ravallec, G. Gyapay, J-M. Drezen, A-N. Volkoff.** Origine des Ichnovirus : analyse du génome viral maintenu dans le génome du parasitoïde *Hyposoter didymator* p 52

16:05-16:30 Pause

16:30-17:50 Session "Biologie des Interactions"

Modératrice : Mylène Ogliastro (INRA, Montpellier)

16:30-17:50 Communications orales :

- O.29- S. Boissinot, B. Bencharaki, S. Revollon, V. Ziegler-Graff, M. Erdinger, L. Wiss, S. Dinant, V. Brault.** Role of phloem proteins in polerovirus transmission by aphids p 53
- O.30- M. Querenet, M-O. Fauvarque, M. Sémon, M-L. Danjoy, D. Thevenon, B. Mollereau, N. Davoust.** Deregulation of the innate immune response of *Drosophila melanogaster* by the dengue virus NS3 protein p 54
- O.31- J. Martinez, S. Patot, F. Fleury, J. Varaldi.** Virus manipulateur du comportement d'un insecte parasitoïde : épidémiologie et effet du génotype de l'insecte sur le phénotype étendu p 55
- O.32- G. Clavijo, T. Dorémus, M. Ravallec, M-A. Mannucci, V. Jouan, A-N. Volkoff, I. Darboux.** Analyse transcriptionnelle des gènes de la famille des vankyrines de l'ichnovirus HdIV, symbionte de l'hyménoptère parasitoïde *Hyposoter didymator* chez différents hôtes p 56

17:50-18:00 Remise du Prix du meilleur poster doctorant

19:15 Visite guidée et commentée du Vieux-Lyon

20:30 Dîner du colloque à la "Brasserie Georges"

Mercredi 20 octobre (matinée)

8:30-10:20 Session "Biologie des Interactions" suite

Modératrice : Catherine Bourgouin (Institut Pasteur, Paris)

8:30-9:00 Conférence invitée :

- I.05- E. Levashina.** Réponses immunitaires chez le moustique vecteur du paludisme *Anopheles gambiae* p 19

9:00-10:20 Communications orales :

- O.33- A. Boissière, L. Abate, M. Tchioffo, A. Marie, P. Awono-Ambene, I. Morlais.** Analyse de la flore bactérienne intestinale de populations naturelles d'*Anopheles gambiae* p 57
- O.34- A. Schmitz, C. Anselme, C. Rebuf, M. Poirié.** Interactions immunitaires puceron-parasitoïde dans le modèle *Acyrtosiphon pisum* / *Aphidius ervi* p 58
- O.35- A. Nappi, Y. Carton.** Detection and destruction of non-self by Insects: what remains to be determined ? p 59
- O.36- F. Labroussaa, M-P. Dubrana, N. Arricau-Bouvery, C. Saillard.** Deciphering the role of the *Spiroplasma citri* phosphoglycerate kinase in the spiroplasma internalization into its insect vector' cells p 60

10:20-10:45 Pause

10:45-12:25 Session "Biologie des Interactions" suite

Modérateur : Christophe Terzian (EPHE, Lyon)

10:45-12:25 Communications orales :

- O.37- A. Fougère, C. Bourgouin.** Analyse fonctionnelle des carboxypeptidases digestives d'*Anopheles gambiae*, impliquées dans le développement de *Plasmodium falciparum* responsable du paludisme p 61
- O.38- A. Merville, H. Henri, A. Vallier, S. Venner, F. Vavre, A. Heddi, M-C. Venner.** Partitionnement de niches écologiques et diversité endosymbiotique chez les balanins du chêne (*Curculio* sp.) p 62
- O.39- S.P. Pierre, N.M. van Dam, J. Jansen, A. Ferry, R. Soler, A.M. Cortesero, S. Dugravot.** Impact d'une infestation foliaire sur les interactions hôte-parasitoïde en compartiment souterrain p 63
- O.40- D. Giron, J. Casas, M. Body, G. Glevarec, E. Huguet, W. Kaiser, A. Lanoue.** Manipulations par un insecte mineur de la physiologie de sa plante hôte par l'intermédiaire d'un endosymbionte bactérien p 64
- O.41- J-C. Simon, T. Tsuchida, R. Koga, S. Boutin, Y. Outreman, T. Fukatsu.** Des passagers influents : nouveaux effets des symbiotes facultatifs du puceron du pois sur l'écologie et la reproduction de leur hôte p 65

12:25-14:00 Repas

Communications invitées



Communications invitées

Session "Physiologie et Développement"

- I.01- R.G. Vogt.** Independent evolution of input and output components of sensory pathways – comparisons of the pheromone detection elements of moths and flies p 15

Session "Bioingénierie de l'Insecte et Valorisation"

- I.02- H. Czosnek.** Functional genomics to decipher whitefly-virus-plant interactions p 16

Session "Écologie et Évolution"

- I.03- L. Keller.** Ant behavior is modulated by complex interactions between genes and social environment p 17

Session "Génomes, Phylogénie et Évolution"

- I.04- E. Jouselin.** Évolution de l'alternance d'hôte et son influence sur la spéciation chez un genre de pucerons : approche phylogénétique dans le genre *Brachycaudus* p 18

Session "Biologie des Interactions"

- I.05- E. Levashina.** Réponses immunitaires chez le moustique vecteur du paludisme *Anopheles gambiae* p 19

I.01 Independent evolution of input and output components of sensory pathways – comparisons of the pheromone detection elements of moths and flies (Are pheromone circuits in fly and moth conserved or derived?)

R.G. Vogt

vogt@biol.sc.edu

University of South Carolina, Department of Biological Sciences, COLUMBIA SC 29208, USA (actuellement en séjour sabbatique : Physiologie de l'Insecte : Signalisation et Communication, INRA F-78026 VERSAILLES Cedex, Université Pierre et Marie Curie F-752582 PARIS Cedex 05)

The Lepidoptera and Diptera lineages, separated around 300 million years ago, have very similar olfactory systems. In both lineages, olfactory sensilla are morphologically characterized and easily recognized as basiconic, trichoid, and coeloconic. These distinct classes of sensilla are used as separate information pathways. In both moth and fly, basiconic sensilla detect plant volatiles while trichoid sensilla detect pheromones and/or socially relevant chemicals; coelconic sensilla detect humidity, temperature, CO₂, and certain classes of odors that have less well understood behavioral significance.

Are these pathways ancestral to Diptera and Lepidoptera; was basiconic-plant detection and trichoid-pheromone detection established prior to the Lepidoptera/Diptera split and subsequently modified within these lineages? Why should trichoid sensilla be reserved for the detection of socially relevant chemicals? How deep do these patterns penetrate (e.g. to Hymenoptera? Coleoptera? beyond?)? How do these “olfactory” pathways compare with “gustatory” pathways; are they co-derived? Various aspects of these pathways will be discussed (morphological, developmental, molecular) to stimulate thought on the diversification and evolution of insect chemosensory systems.

I.02 Functional genomics to decipher whitefly-virus-plant interactions

H. Czosnek

czosnek@agri.huji.ac.il

Institute of Plant Sciences and Genetics in Agriculture, The Robert H. Smith Faculty of Agriculture Food and Environment, The Hebrew University of Jerusalem, REHOVOT 76100, ISRAEL

The whitefly *Bemisia tabaci* causes important damages to agricultural crops because of its feeding habits and because of its ability to vector important plant viruses, especially Begomoviruses. Among those, *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV) is one of the more economically important. TYLCV like all begomoviruses is transmitted in a circulative manner by the whitefly *Bemisia tabaci*. TYLCV could be detected in the insect head already 10 min after the beginning of the acquisition access period (AAP); Whiteflies were able to infect tomato plants after 8 h (latent period). Following a 24 h AAP, the virus was conspicuous during the insects 4 weeks-long adult life; during this period, the ability of the insects to inoculate plants steadily decreased, from 100% to 10-20%. Females were much more infective than males. The long-term presence of TYLCV in *B. tabaci* was associated with a $\sim 25\%$ decrease in the insect longevity and a $\sim 40\%$ decrease in the insect fertility. The survival of TYLCV in the haemolymph of *B. tabaci* is ensured by a ~ 63 kDa GroEL homologue produced by the whitefly endosymbionts, which interacts with the virus in the haemolymph, a strategy also used by luteoviruses in aphids.

Despite the economic and scientific importance of *B. tabaci*, the genome of the whitefly and its expression has started to be investigated on a large scale only recently. We have generated several cDNA libraries from viruliferous and non-viruliferous whiteflies. A cDNA spotted microarray containing 6,000 entries was constructed and used for gene expression studies. The *B. tabaci* microarray has allowed analyzing patterns of gene expression during several important processes in the life of the insect: 1) development, 2) parasitization by wasps, 3) comparative biotype-specific gene expression.

Host response to TYLCV presence was studied in whole insects and in the digestive tract. The effects of the virus were extracted by comparing the transcriptome of the whiteflies reared for 6 h on TYLCV-infected tomato, then on cotton, with those of insects reared on non-infected tomato and cotton. The expression of less than 10 genes was affected after five days rearing on cotton. Prolonged periods of time on cotton had a major effect on whitefly gene expression. Approximately 100 genes were differentially expressed upon initial feeding on tomato and another 100 (different) genes were differentially expressed upon feeding on cotton. The effect of the host plant on the gene expression patterns of *B. tabaci* was much more important than that of TYLCV. A hsp70 strongly responded to the presence of TYLCV. Immunocapture PCR and FISH showed interaction between TYLCV virions and HSP70. Since hsp70 may be directly involved in the circulative transmission of TYLCV, this genes is a potential target for designing strategies to better control TYLCV transmission by *B. tabaci* via a silencing approach.

I.03 Ant behavior is modulated by complex interactions between genes and social environment

L. Keller

Laurent.keller@unil.ch

Université de Lausanne, Département d'écologie et évolution, Biophore, 1015 LAUSANNE, SUISSE

In this talk, I will discuss how interactions between genes and social environment influence behavior and social organization. In particular, I will show that, in ants, worker behavior and gene expression profiles are more strongly influenced by indirect effects associated with the genotypic composition of workers within their colony than by the direct effect of their own genotype.

This constitutes an unusual example of an "extended phenotype," and suggests a complex genetic architecture directly and indirectly influencing the individual behaviors that, in aggregate, produce an emergent colony-level phenotype. Such interactions may be more common that realised in other organisms.

I.04 Évolution de l'alternance d'hôte et son influence sur la spéciation chez un genre de pucerons : approche phylogénétique dans le genre *Brachycaudus*

E. Jouselin

jousseli@supagro.inra.fr

Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, Campus International de Baillarguet, F-34988 MONTFERRIER-SUR-LEZ Cedex

Certaines espèces de pucerons présentent la particularité parmi les insectes phytophages d'alterner entre deux hôtes durant leur cycle de vie, un hôte primaire (souvent un arbre) sur lequel se déroule la phase sexuée des pucerons et un ou plusieurs hôtes secondaires (souvent des herbacées), ces pucerons sont dits hétéroéciques. Les espèces ne changeant pas de gamme d'hôtes au cours de leur cycle, sont dites monoéciques. Les contraintes et pressions de sélection agissant sur l'évolution du cycle de vie des pucerons ont fait l'objet de nombreux débats. Le scénario évolutif accepté suggère que l'alternance d'hôte a évolué à partir de la monoécie sur arbres, plusieurs transitions vers la monoécie sur herbacées auraient eu lieu avec la diversification des herbacées au milieu du Tertiaire et auraient facilité une diversification rapide des pucerons. L'hétéroécie aurait persisté chez certaines espèces ; des contraintes de développement sur certains morphes empêchant le passage de l'intégralité du cycle des pucerons sur herbacées. Ce scénario suggère que une fois perdue l'hétéroécie ne devrait pas être acquise de novo au cours de l'évolution.

Nous avons testé ce scénario en reconstruisant la phylogénie d'un genre dont les espèces présentent tous les types de cycles connus chez les pucerons: le genre *Brachycaudus*. Nous avons combiné les données moléculaires des pucerons et de leurs bactéries obligatoires (*Buchnera*) afin d'obtenir une phylogénie des *Brachycaudus* finement résolue. A partir de cette reconstruction, une méthode de délimitation d'espèces basés sur la divergence génétique nous a permis de définir les « espèces » de pucerons indépendamment de caractéristiques biologiques telles que l'association spécifique avec une plante hôte. Cette étape nous a permis de redéfinir le degré de spécificité de certaines espèces vis-à-vis de leur plante hôte. La reconstruction de l'histoire du cycle de vie des pucerons à partir de cette phylogénie montre de façon surprenante que ce trait est très labile et qu'il y a eu plusieurs acquisitions de l'hétéroécie à partir d'un ancêtre monoécique sur herbacées au sein du genre *Brachycaudus*. Ceci va à l'encontre des scénarios évolutifs bien acceptés dans la littérature. Ces résultats suggèrent que l'hétéroécie n'est pas le résultat de contraintes fortes sur l'évolution de certains morphes (morphes sexués et fondatrices) chez les pucerons mais que l'utilisation de deux plantes hôtes au cours du cycle pourrait être adaptative. Ils suggèrent également que le déterminisme génétique des morphes n'est probablement pas aussi compliqué que ce que l'on pensait.

Les transitions évolutives du type de cycle de vie, qu'il s'agisse de l'acquisition d'un hôte primaire ou de la perte de cet hôte primaire, facilitent les événements de spéciation étant donné qu'ils induisent un déplacement de la reproduction sexuée sur une autre plante. Les nombreuses transitions observées pour ce caractère constituent donc probablement l'un des moteurs de la diversification au sein du genre *Brachycaudus* et peut être au sein de la sous-famille des Aphidinae qui constitue la sous-famille de pucerons la plus riche en espèces.

I.05 Antiparasitic responses in the malaria vector *Anopheles gambiae* [Réponses immunitaires chez le moustique vecteur du paludisme *Anopheles gambiae*]

E.A. Levashina

E.Levashina@ibmc.u-strasbg.fr

UPR 9022 CNRS, U963 Inserm, UMR 9022 Université de Strasbourg "Réponse Immunitaire et Développement chez les Insectes", Institut de Biologie Moléculaire et Cellulaire (IBMC), 15 rue René Descartes, F-67084 STRASBOURG Cedex

Mosquitoes of the *Anopheles* genus represent a major threat for human health, as they are the exclusive vectors of malaria. A series of biological features, collectively known as vectorial capacity, renders *Anopheles* species very efficient vectors for the transmission of *Plasmodium* parasites, the causative agents of malaria. These include a genetically determined preference for blood meals on a human host for egg development, a high reproductive rate and a long life span, combined with the innate ability to support parasite development. Therefore modulation of vector-parasite interactions, host-seeking behaviour, reproductive biology, and longevity offer key opportunities for interfering with malaria transmission.

We are interested in interactions between the mosquito immune system and reproduction. Indeed, when taking a blood meal on a person infected with malaria, females acquire nutrients that will activate egg development (oogenesis) in their ovaries. Simultaneously, they infect themselves with the malaria parasite. On traversing the mosquito midgut epithelium, invading *Plasmodium* ookinetes are met with a potent innate immune response predominantly controlled by mosquito blood cells. We will discuss how the proteins that deliver nutrients to maturing mosquito oocytes interfere with the antiparasitic response. Lipophorin (Lp) and vitellogenin (Vg), two nutrient transport proteins, reduce the parasite-killing efficiency of the antiparasitic factor TEP1. Moreover, we uncover a complex regulation of expression of Vg, which requires the function of Lp. Finally, we will discuss an inhibitory role of the Cactus/REL1/REL2 signaling cassette in the expression of Vg, but not of Lp. Our results reveal molecular links that connect reproduction and immunity at several levels and provide a molecular basis for a long-suspected trade-off between these two processes.

Notes

A series of horizontal dashed lines for taking notes.

Communications orales

(par ordre d'apparition)



Communications orales

Session "Physiologie et Développement"

- O.01- E. Darrouzet, M. Labédan, A-G. Bagnères, J-P. Christidès.** Régulation hormonale de la signature chimique lors de la différenciation des castes chez le termite européen *Reticulitermes flavipes* p 25
- O.02- R.B. Barrozo, D. Jarriault, S. Anton, C. Gadenne.** Post-mating sexual abstinence in a male moth: Smell, Sex, and Stop ! p 26
- O.03- E. Poivet, C. Monsempes, N. Glaser, D. Rochat, F. Marion-Poll, E. Jacquin-Joly.** Un doctorat, deux antennes, trois sensilles : étude des capacités olfactives des chenilles de lépidoptères p 27
- O.04- H. Colinet, Siu Fai Lee, A. Hoffmann.** La réponse moléculaire au stress hypothermique chez la *Drosophila* p 28
- O.05- A. Algazeery, R. Meyer, M. Capri, O. Aït-Ahmed.** Défauts de méiose et parthénogenèse chez un mutant de *Drosophila melanogaster* portant la mutation V478E sur la Yemanucléine-alpha (Yem-alpha) p 29
- O.06- F. Legeai, L. Ratié, G. Rizk, T. Walsh, O. Edwards, K. Gordon, D. Lavenier, N. Leterme, A. Méreau, J. Nicolas, D. Tagu, S. Jaubert-Possamai.** Functional analyses of microRNAs during the switch of reproduction mode in the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum* p 30
- O.07- A. Rabatel, G. Febvay, K. Gaget, G. Duport, Y. Rahbé, H. Charles, F. Calevro, S. Colella.** Caractérisation transcriptomique du développement embryonnaire et larvaire du puceron du pois *Acyrtosiphon pisum* p 31

Session "Bioingénierie de l'Insecte et Valorisation"

- O.08- F. Gressent, C. Chouabe, M. Le Gleuher, I. Rahioui, P. Da Silva, M. Van Munster, C. Royer, D. Pauron.** Mécanisme d'action de PA1b, une entomotoxine d'origine végétale p 32
- O.09- S. Servier, M.H. Sauge, G. Febvay, M.N. Corre, C. Croset, J.P. Lacroze, Y. Rahbé, J-L. Poëssel.** Étude du mode d'action des acides dicaféoylquiniques, molécules naturelles aphicides p 33
- O.10- E. Pondeville, A. Bisson, J-C. Jacques, J. Sautereau, P. Eggleston, C. Bourgouin.** Development of a novel and efficient transformation system in *Anopheles gambiae* for functional analysis of *Plasmodium falciparum* - Anopheles interactions p 34
- O.11- H. Mouret, C. Sabah, F. Vyghen, L. Guilbaud, C. Visage, B. Vaissière.** URBANBEES, un programme européen LIFE pour valoriser la biodiversité des abeilles en ville p 35
- O.12- B. Frérot, L. Ollivier.** Mutualisme et pollinisation par duperie olfactive : cas du palmier à huile et des *Elaeidobius* spp. p 36
- O.13- M. Augé, R. Sforza.** Suivi spatio-temporel de *Chrysochus asclepiadeus* (Col. Chrysomelidae), un candidat pour le contrôle biologique des domptes-venin (Apocynaceae) p 37
- O.14- E. Tabone, E. Roux, R. Goebel, E. Colombel, C. Clain, M. Marquier, J. Frandon, J. Bodendörfer, A. Bonnet, H. Do Thi Khanh.** Une stratégie efficace de lutte biologique en combinant lâchers inondatifs et conservation p 38

Session "Écologie et Évolution"

- O.15- J. Meunier, M. Chapuisat, O. Delémont, C. Lucas.** Recognition in ants: when social origin matters p 39
- O.16- D. Charabidze, V. Hedouin, D. Gosset.** Étude du comportement grégaire chez les larves de *Lucilia sericata* (Diptera Calliphoridae) p 40
- O.17- B. Chouquet, F. Chardonnet, B. Le Rü, C. Capdevielle-Dulac, J-F. Silvain, L. Kaiser.** Le gène *for* ferait-il des ravages ! p 41
- O.18- R. Poupardin, M.A. Riaz, J. Vontas, J-P. David, S. Reynaud.** Transcription profiling of eleven cytochrome P450s potentially involved in xenobiotic metabolism in the mosquito *Aedes aegypti* p 42
- O.19- G. Gimonneau, M. Pombi, J. Bouyer, M. Choisy, A. Diabate, S. Morand, C. Costantini, F. Simard.** Étude de la ségrégation et de l'adaptation environnementale chez deux espèces naissantes d'Anophèles au Burkina Faso p 43
- O.20- L. Froissart, S. Sauzet, E. Desouhant.** La distribution spatiale des ressources façonne-t-elle la dynamique de la mémoire ? *Venturia canescens* sur le gril p 44
- O.21- P-F. Pélisson, M-C. Bel-Venner, F. Menu, S. Venner.** Coexistence d'insectes phytophages et partitionnement temporel de l'exploitation d'une ressource pulsée p 45
- O.22- E. Delava, P. Gibert, D. Charif, R. Allemand, F. Fleury.** Changement climatique et adaptation : réponse des populations d'un Hyménoptère parasitoïde à différents régimes de température p 46
- O.23- N. Sauvion, J. Peccoud, D. Pleydel, V. Marie-Jeanne, P. Limon, J. Peyre, G. Labonne.** Apport de la biologie évolutive à la compréhension d'une épidémie : le cas d'un pathosystème psylle / phytoplasme / *Prunus* p 47
- O.24- B. Kaufmann, M. Demarcy, M. Amiez, F. Piola.** Impacts croisés de 2 espèces invasives mutualistes sur des communautés indigènes : l'exemple des renouées invasives (*Fallopia* spp.) et de la fourmi *Lasius neglectus* p 48

Session "Génomomes, Phylogénie et Évolution"

- O.25- S. Guyot, J. Bertaux, A-G. Bagnères, D. Bouchon, F. Dedeine.** Pourquoi les symbioses termites – flagellés sont-elles évolutivement instables ? p 49
- O.26- E. d'Alençon, H. Sezutsu, F. Legeai, E. Permal, S. Stanojcic, N. Nègre, S. Bernard-Samain, M. Shimomura, S. Gimenez, C. Gagneur, F. Cousserans, B. Allassoeur, A. Léger1, A. Abd-Alla, S. Juliant, A. Brun-Barale, T. Flutre, A. Couloux, P. East, K. Gordon, K. Mita, H. Quesneville, R. Feyereisen, P. Fournier.** Plasticité des génomes holocentriques d'insectes p 50
- O.27- A. Bonin, M. Paris, G. Tetreau, J-P. David, L. Després.** Résistance à l'insecticide bactérien *Bacillus thuringiensis* var. *israelensis* : criblage génomique et identification d'un gène candidat chez le moustique *Aedes aegypti* p 51
- O.28- V. Jouan, S. Urbach, M. Ravallec, G. Gyapay, J-M. Drezen, A-N. Volkoff.** Origine des Ichnovirus : analyse du génome viral maintenu dans le génome du parasitoïde *Hyposoter didymator* p 52

Session "Biologie des Interactions"

- O.29- S. Boissinot, B. Bencharki, S. Revollon, V. Ziegler-Graff, M. Erdinger, L. Wiss, S. Dinant, V. Brault.** Role of phloem proteins in polerovirus transmission by aphids p 53
- O.30- M. Querenet, M-O. Fauvarque, M. Sémon, M-L. Danjoy, D. Thevenon, B. Mollereau, N. Davoust.** Deregulation of the innate immune response of *Drosophila melanogaster* by the dengue virus NS3 protein p 54
- O.31- J. Martinez, S. Patot, F. Fleury, J. Varaldi.** Virus manipulateur du comportement d'un insecte parasitoïde : épidémiologie et effet du génotype de l'insecte sur le phénotype étendu p 55
- O.32- G. Clavijo, T. Dorémus, M. Ravallec, M-A. Mannucci, V. Jouan, A-N. Volkoff, I. Darboux.** Analyse transcriptionnelle des gènes de la famille des vankyrines de l'ichnovirus HdIV, symbionte de l'hyménoptère parasitoïde *Hyposoter didymator* chez différents hôtes p 56
- O.33- A. Boissière, L. Abate, M. Tchioffo, A. Marie, P. Awono-Ambene, I. Morlais.** Analyse de la flore bactérienne intestinale de populations naturelles d'*Anopheles gambiae* p 57
- O.34- A. Schmitz, C. Anselme, C. Rebuf, M. Poirié.** Interactions immunitaires puceron-parasitoïde dans le modèle *Acyrtosiphon pisum /Aphidius ervi* p 58
- O.35- A. Nappi, Y. Carton.** Detection and destruction of non-self by Insects: what remains to be determined ? p 59
- O.36- F. Labroussaa, M-P. Dubrana, N. Arricau-Bouvery, C. Saillard.** Deciphering the role of the *Spiroplasma citri* phosphoglycerate kinase in the spiroplasma internalization into its insect vector' cells p 60
- O.37- A. Fougère, C. Bourguoin.** Analyse fonctionnelle des carboxypeptidases digestives d'*Anopheles gambiae*, impliquées dans le développement de *Plasmodium falciparum* responsable du paludisme p 61
- O.38- A. Merville, H. Henri, A. Vallier, S. Venner, F. Vavre, A. Heddi, M-C. Venner.** Partitionnement de niches écologiques et diversité endosymbiotique chez les balanins du chêne (*Curculio* sp.) p 62
- O.39- S.P. Pierre, N.M. van Dam, J. Jansen, A. Ferry, R. Soler, A.M. Cortesero, S. Dugravot.** Impact d'une infestation foliaire sur les interactions hôte-parasitoïde en compartiment souterrain p 63
- O.40- D. Giron, J. Casas, M. Body, G. Glevarec, E. Huguet, W. Kaiser, A. Lanoue.** Manipulations par un insecte mineur de la physiologie de sa plante hôte par l'intermédiaire d'un endosymbionte bactérien p 64
- O.41- J-C. Simon, T. Tsuchida, R. Koga, S. Boutin, Y. Outreman, T. Fukatsu.** Des passagers influents : nouveaux effets des symbiotes facultatifs du puceron du pois sur l'écologie et la reproduction de leur hôte p 65

O.01 Régulation hormonale de la signature chimique lors de la différenciation des castes chez le termite européen *Reticulitermes flavipes*

E. Darrouzet, M. Labédan, A-G. Bagnères, J-P. Christidès

eric.darrouzet@univ-tours.fr

Unité I.R.B.I., UMR CNRS 6035, Université de Tours, Parc de Grandmont, F-37200 Tours

Les insectes se reconnaissent entre eux grâce à une signature chimique principalement composée d'un mélange d'hydrocarbures à la surface de la cuticule (HCs). Ces composés, de nature lipidique, permettent de limiter la dessiccation, mais permettent aussi aux individus de se reconnaître selon leur espèce, leur sexe, et dans le cas des insectes sociaux selon leur colonie et leur caste. Les termites, en particulier, vivent en grand nombre au sein de sociétés complexes constituées de castes distinctes : reproducteurs primaires (roi et reine) et secondaires (néoténiques), ouvriers et soldats. Les ouvriers peuvent, dans certaines conditions, se transformer en néoténiques ou en soldats. Chez le termite *Reticulitermes flavipes*, chaque caste possède une signature chimique en CHs qui lui est propre.

A l'aide de chromatographies en phase gazeuse et d'analyses mathématiques des profils HCs, nous avons déterminé, chez *R. flavipes*, comment la signature chimique évolue lors du changement de caste entre les ouvriers et les soldats. Ce changement de caste a été induit artificiellement en traitant des ouvriers avec un analogue chimique de l'hormone juvénile (JH).

La différenciation des ouvriers en soldats nécessite deux mues, les ouvriers se différenciant d'abord en pré-soldats puis en soldats. Un premier changement du profil HCs se fait chez les ouvriers traités avant la mue, un second lors de la mue d'ouvrier en pré-soldat, un troisième au sein de l'inter-caste, un quatrième lors de la mue de pré-soldat en soldat, et enfin un dernier au sein du stade soldat. Ces résultats suggèrent (1) que la JH contrôle la nature de la signature chimique, et (2) une maturation de cette signature pour les castes et inter-castes.

Ce travail ouvre de nombreuses perspectives : où et comment agit la JH sur la production des HCs ? Comment se comporte un ouvrier qui va muer au sein de la colonie ? Comment se comportent les ouvriers vis-à-vis d'un ouvrier qui va muer, si ce dernier présente une modification de signature chimique ? Les soldats induits artificiellement ont-ils le même comportement que les vrais soldats ? Quel est le comportement des autres individus (ouvriers et soldats) à leur rencontre ?

O.02 Post-mating sexual abstinence in a male moth: Smell, Sex, and Stop !

R.B. Barrozo, D. Jarriault, S. Anton, C. Gadenne

christophe.gadenne@versailles.inra.fr

INRA, UMR 1272 Insect Physiology: Signalisation and Communication, F-78000 VERSAILLES

In the moth, *Agrotis ipsilon*, newly-mated males cease to be attracted to the female-produced sex pheromone, preventing them to remate until the next night in order to refill their reproductive glands for a potential new ejaculate. The behavioural plasticity is accompanied by a decrease in neuron sensitivity within the primary olfactory centre, the antennal lobe (AL). However, it was not clear whether the lack of the sexually-guided behaviour results from the absence of sex pheromone detection in the ALs, or if males ignore it in spite of detection, or if sex pheromone itself inhibits attraction behaviour after mating. To test these hypotheses, we performed behavioural tests and intracellular recordings of AL neurons to non-pheromonal odours (flower volatiles), different doses of sex pheromone, and their mixtures in virgin and newly-mated males. Our results show that, although the behavioural and AL neuron responses to flower volatiles alone were similar between virgin and mated males, the behavioural response of mated males to flower odours was inhibited by adding pheromone doses above the detection threshold of central neurons. Moreover, we show that the sex pheromone becomes inhibitory by differential central processing: below a specific threshold, it is not detected within the AL; above this threshold, it becomes inhibitory, preventing newly-mated males from responding even to plant odours. Mated male moths have thus evolved a strategy based on transient odour-selective central processing, which allows them to avoid the risk-taking, energy-consuming search for females, and to remate until the next night for a potential new ejaculate.

O.03 Un doctorat, deux antennes, trois sensilles : étude des capacités olfactives des chenilles de lépidoptères

E. Poivet, C. Monsempe, N. Glaser, D. Rochat, F. Marion-Poll, E. Jacquin-Joly

erwan.poivet@versailles.inra.fr

UMR PISC n°1272 INRA-UPMC, "Physiologie de l'insecte : signalisation et communication", Route de Saint-Cyr, F-78026 VERSAILLES cedex

Les chenilles de noctuelles sont responsables de près d'1/6 des pertes des productions agricoles. Longtemps considérées comme peu mobiles et ne se nourrissant que de la plante sur laquelle elles sont nées, des résultats récents montrent qu'au contraire les chenilles auraient la faculté de « choisir » leur hôte par perception olfactive. Dans ce contexte, nous étudions d'un point de vue moléculaire, comportemental et physiologique les capacités olfactives des chenilles, sur l'espèce modèle de ravageur *Spodoptera littoralis* (la noctuelle du coton), tout en tenant compte de la modulation de la réponse par le régime alimentaire.

Nous avons dans un premier temps recherché chez les chenilles l'expression des gènes olfactifs précédemment identifiés chez les adultes, en particulier les récepteurs olfactifs et les protéines de liaison aux odeurs. Par PCR quantitative, nous avons ainsi montré que les chenilles n'expriment dans leurs organes chimiosensoriels qu'une partie du répertoire de gènes olfactifs adultes, mais cette approche ne permet pas d'identifier les gènes olfactifs spécifiques de ce stade. Ainsi, dans un deuxième temps, le séquençage haut-débit (454) du transcriptome des organes chimiosensoriels des chenilles a été effectué et l'analyse bioinformatique est en cours. En parallèle, nous avons mis au point un test de trajectométrie sur compensateur de locomotion afin de mettre en évidence les odeurs détectées par les chenilles. D'ores et déjà, nous avons montré l'influence de l'état nutritionnel des chenilles sur leurs capacités à s'orienter vers une source pertinente, un jeûne de 24h entraînant une activité supérieure des chenilles.

Défricher les mécanismes olfactifs chez les chenilles permettra à terme d'identifier de nouvelles cibles (récepteurs olfactifs) ou de nouveaux leurres (répulsifs/attractants) pour la mise au point de méthodes de lutte sélectives et sans danger. Egalement, la comparaison des systèmes olfactifs chenilles et adultes apportera des éléments nouveaux sur le développement de ce système ainsi que sur sa modulation possible en fonction du régime alimentaire.

O.04 La réponse moléculaire au stress hypothermique chez la Drosophile

H. Colinet¹, Siu Fai Lee², A. Hoffmann²

herve.colinet@uclouvain.be

¹ Unité d'Écologie et de Biogéographie, Biodiversity Research Centre, Université catholique de Louvain, LOUVAIN-LA-NEUVE, BELGIUM – ² Centre for Environmental Stress and Adaptation Research, Department of Genetics, Bio21 Institute, The University of Melbourne, PARKVILLE, Vic 3010, AUSTRALIA

Un certain nombre de gènes et protéines spécifiques sont activés durant la réponse au stress. La réponse moléculaire au stress hyperthermique (heat stress) est relativement bien caractérisée chez les insectes, alors que celle liée au stress hypothermique (cold stress) l'est nettement moins. Dans cette étude nous analysons l'expression de gènes candidats chez la mouche *Drosophila melanogaster* durant et après un stress hypothermique prolongé (0 °C). Nous montrons qu'en plus de *Hsp70*, dont la réponse au froid est connue, certains *heat shock* gènes (*Hsp22*, *Hsp23*, *Hsp26*, *Hsp27*, *Hsp40*, *Hsp68* et *Hsp83*) s'expriment durant la récupération au stress hypothermique, avec un pic d'expression après 2 h de récupération. D'autres gènes (*Hsp60*, *Hsp67* et *Hsc70*) ne montrent aucune modulation durant et après le stress. Nous analysons également *Starvin* (*Stv*), l'unique gène codant une BAG-protéine chez la Drosophile. Les BAG sont connus pour être des régulateurs de chaperons moléculaires chez d'autres organismes que la Drosophile. L'analyse de l'expression du gène *Stv* et de sa protéine en condition de stress hypothermique montre des modulations uniquement durant la période de récupération. Finalement, le rôle fonctionnel de *Frost* (*Fst*), un gène spécifiquement exprimé durant la récupération au stress hypothermique, est analysé. L'inhibition de l'expression de *Fst* par ARN interférence démontre le rôle essentiel de ce gène dans la récupération au stress hyperthermique.

O.05 Défauts de méiose et parthénogenèse chez un mutant de *Drosophila melanogaster* portant la mutation V478E sur la Yemanucléine-alpha (Yem-alpha)

A. Algazeery¹, R. Meyer^{1,2}, M. Capri¹, O. Aït-Ahmed¹

Ounissa.Ait-Ahmed@igh.cnrs.fr

¹Institut de Génétique Humaine (IGH), Unité Propre de Recherche 1142, Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS), 141 Rue de la Cardonille, F-34396 MONTPELLIER cedex 5 – ²current address: Cell Cycle and Cancer Biology Oklahoma Medical Research Foundation, 825 N.E. 13th Street, OKLAHOMA CITY, OK 73104, USA

La méiose, par ses deux cycles de divisions précédés d'un cycle unique de réplication, préside à la formation des gamètes, haploïdes. La diploïdie est restaurée après fécondation. Une division réductionnelle (méiose I) permet de ségréger les chromosomes homologues, suivie d'une division équationnelle qui aboutit à la ségrégation des chromatides sœurs (méiose II).

Notre équipe a décrit la première mutation sur le gène de la Yemanucléine (Yem-alpha) qui affecte différentes étapes de la première division de méiose. Cette mutation est caractérisée par une quasi stérilité des femelles. Une descendance exceptionnelle peut être obtenue à partir de ces femelles. De façon inattendue, il s'avère que cette descendance est parthénogénétique.

Ce résultat suppose la formation de gamètes diploïdes. Nous proposons un modèle pour rendre compte de ces observations. Soulignons que la Yemanucléine-alpha est une protéine conservée à travers les espèces. En collaboration avec J. Rufas (Madrid), nous avons analysé l'orthologue d'orthoptère. L'association de la protéine aux chromosomes en méiose est en accord avec nos observations cytologiques et les analyses fonctionnelles réalisées chez la drosophile. Par ailleurs la protéine de Drosophile ainsi que les orthologues Humain et de levure ont été identifiés dans des complexes HIRA (chaperon d'histone) nécessaires au remodelage de la chromatine indépendant de la réplication. Cet aspect est analysé par ailleurs en collaboration avec l'équipe de Benjamin Loppin (Lyon Villeurbanne).

O.06 Functional analyses of microRNAs during the switch of reproduction mode in the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum*

F. Legeai^{1,2}, L. Ratié¹, G. Rizk³, T. Walsh⁴, O. Edwards⁴, K. Gordon⁵, D. Lavenier⁶, N. Leterme¹, A. Méreau⁷, J. Nicolas², D. Tagu¹, S. Jaubert-Possamai¹

Stephanie.Jaubert@rennes.inra.fr

¹ INRA Rennes, UMR1099 BiO3P, F-35653 LE RHEU – ² INRIA Centre Rennes – Bretagne Atlantique, GenOuest, Campus de Beaulieu, F-35042 RENNES – ³ Université de Rennes I / IRISA Campus de Beaulieu, F-35042 RENNES – ⁴ CSIRO Entomology, GPO Box 1700, CANBERRA ACT 2601, AUSTRALIA – ⁵ CSIRO Entomology, Centre for Environment and Life Sciences (CELS) FLOREAT PARK WA 6014, AUSTRALIA – ⁶ ENS Cachan / IRISA Campus de Beaulieu, F-35042 RENNES – ⁷ CNRS, Univ Rennes 1, UMR 6061, IFR 140, RENNES

Beside to be a major insect crop pest, aphids present a strong plasticity of their genome: one single genome is able to produce distinct phenotypes under different environmental conditions. The switch from parthenogenetic reproduction to sexual reproduction in response to seasonal variations is a main example of this plasticity. Four distinct morphs are produced all along this change of reproduction mode: the parthenogenetic “virginoparae” that produce parthenogenetic progeny, the parthenogenetic sexuparae that produce through parthenogenesis sexual progeny, the sexual males and sexual oviparae females.

Small non-coding RNAs play a main role at the post-transcriptional level in the regulation of gene expression in eukaryotes. A global duplication of miRNA machinery has been evidenced in the pea aphid *Acyrtosiphon pisum* (Legeai *et al.* 2010). Moreover, some miRNAs have been found to be involved in phenotypic plasticity in honeybee (Weaver *et al.* 2007) and locust (Wei *et al.* 2009). This suggests that microRNAs could be involved in the switch of reproduction mode in aphids.

We developed high throughput Solexa sequencing and bioinformatic analyses of the genome of the pea aphid *A. pisum* in order to identify the first miRNAs from a hemipteran insect. By combining these methods we identified 149 miRNAs including 55 conserved and 94 new miRNAs. We investigated the regulation of these miRNAs across the change of reproduction mode. We analysed the expression of miRNAs in different alternative morphs at adult stage (parthenogenetic virginoparae, parthenogenetic sexuparae and sexual oviparae). 17 miRNAs were shown to be significantly regulated between the morphs. In order to investigate the role of these microRNAs in the change of reproduction mode, we developed a functional analysis of 2 microRNAs: *Ap-mir-3* and *Ap-let-7*.

First, our analyses on adult stages showed that *Ap-mir-34* is regulated between the two parthenogenetic morphs: the sexuparae and the virginoparae. The overexpression of *Ap-mir-34* in sexuparae suggests a role for this microRNA in the switch of reproduction mode. At adult stages, *Ap-let-7* showed an overexpression in oviparae sexual females. This result indicates that *Ap-let-7* could play a specific role in the sexual females.

Second, we analysed the expression pattern of *Ap-mir-34* and *Ap-let-7* during the larval development of the three morphs by quantitative RT-PCR. While *Ap-mir-34* is overexpressed in sexuparae all along the development (L1 to adult), *Ap-let-7* is overexpressed in oviparae only in the late larval stage and in adult. Moreover, the localisation of the expression of *Ap-let-7* and *Ap-mir-34* has been investigated by *in situ* hybridisation.

Finally we investigated the effect of the inhibition of these microRNAs on the change of reproduction mode by injecting LNA oligonucleotides in aphid haemolymph and analysing the effect on the induction of sexual reproduction.

In conclusions, two microRNAs *Ap-let-7* and *Ap-mir-34*, putatively involved in the change of reproduction mode of the pea aphid have been identified. Further characterisation of the mRNA targeted by these microRNAs should allow determining their role in the change of reproduction mode of the pea aphid.

O.07 Caractérisation transcriptomique du développement embryonnaire et larvaire du puceron du pois *Acyrtosiphon pisum*

A. Rabatel¹, G. Febvay^{1,2}, K. Gaget¹, G. Duport¹, Y. Rahbé^{1,2}, H. Charles^{1,2}, F. Calevro^{1,2}, S. Colella^{1,2}

andreane.rabatel@jouy.inra.fr

¹ UMR203 BF2I, Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INRA, INSA-Lyon, Université de Lyon, F-69621 VILLEURBANNE – ² BAMBOO, INRIA Rhône-Alpes

Les pucerons sont des ravageurs majeurs des cultures en climat tempéré. Leurs pullulations occasionnent périodiquement des dégâts directs importants sur la plupart des espèces végétales cultivées et ils sont par ailleurs les principaux vecteurs de viroses végétales. Leur succès parasitaire est essentiellement lié à deux caractéristiques de leurs traits de vie : (1) une stratégie reproductive, alternant reproduction sexuée pendant l'hiver et reproduction asexuée (parthénogenèse) pendant le printemps et l'été, qui assure une spectaculaire expansion démographique des populations de pucerons ; (2) une relation symbiotique avec la bactérie *Buchnera aphidicola*, qui permet aux pucerons de se nourrir exclusivement de la sève phloémienne des plantes, un aliment de composition très déséquilibrée. *Buchnera* joue un rôle important dans le développement du puceron (développement ralenti et absence de reproduction sans cette bactérie symbiotique) et des études métaboliques ont montré que *Buchnera* fournit au puceron les acides aminés essentiels qui sont en concentration limitée dans son alimentation. Les génomes du puceron du pois *Acyrtosiphon pisum* ainsi que celui de *Buchnera* sont séquencés et annotés, ce qui a permis de mettre en évidence la complémentarité entre le génome de l'hôte et celui de sa bactérie symbiotique et de développer des outils permettant une analyse globale et couplée des deux partenaires.

L'objectif de ce travail est de caractériser certains mécanismes moléculaires spécifiques lors du développement embryonnaire et larvaire au cours de la reproduction parthénogénétique du puceron du pois et la possible contribution de la bactérie symbiotique à ce processus. En utilisant une puce à sondes oligonucléotidiques, développée en collaboration avec NimbleGen et incluant 24011 gènes, l'analyse du transcriptome d'*A. pisum* est réalisée à différentes étapes clés de son développement embryonnaire et larvaire. L'analyse statistique (modèle linéaire d'ANOVA et contrastes spécifiques) des données ainsi obtenues a permis de révéler des différences d'expression significatives entre les groupes considérés (3 classes d'embryons au cours du développement et larves du 1^{er} stade). Ces différences ont permis d'identifier des gènes homologues de gènes annotés comme étant impliqués dans le développement et la morphogenèse d'autres insectes et, d'autre part, des gènes du métabolisme. La caractérisation de ces derniers et l'analyse en acides aminés des embryons et des larves met en évidence un rôle important des acides aminés aromatiques dans les changements critiques de stade au cours du développement chez le puceron du pois. Cette analyse au niveau de l'insecte hôte a été complétée par une analyse parallèle du transcriptome de *Buchnera* à l'aide d'une puce oligonucléotidique pangénomique développée au laboratoire. Aucune expression différentielle des gènes de *Buchnera* impliqués dans la biosynthèse des acides aminés essentiels n'a été détectée au cours du développement du puceron. Toutefois, des changements dans l'expression des gènes impliqués dans les voies de biosynthèse de la riboflavine (métabolisme énergétique) ont été mis en évidence chez *Buchnera* lors de changements critiques de stade du puceron hôte.

O.08 Mécanisme d'action de PA1b, une entomotoxine d'origine végétale

F. Gressent¹, C. Chouabe², M. Le Gleuher³, I. Rahioui¹, P. Da Silva¹, M. Van Munster², C. Royer¹, D. Pauron³

Frederic.Gressent@lyon.inra.fr

¹ UMR INRA / INSA de Lyon BF2I, INSA de Lyon, Bâtiment Louis Pasteur, F-69621 VILLEURBANNE Cedex – ² UMR CNRS / UCBL PICM, Bâtiment R. Dubois, F-69622 VILLEURBANNE Cedex – ³ UMR INRA 1301 400 route des Chappes, BP 167, F-06903 SOPHIA-ANTIPOLIS Cedex

PA1b est un peptide de 37 acides aminés comportant six cystéines impliquées dans trois ponts disulfure intramoléculaires. Actuellement PA1b est une des rares entomotoxines peptidiques active par ingestion. Son activité entomotoxique vis-à-vis de certains ravageurs comme les charançons des céréales (*Sitophilus zeamais*, *S. granarius* et *S. oryzae*) ou le puceron du pois (*Acyrtosiphon pisum*) a été brevetée. Le mécanisme d'action de la toxine passe par la liaison à un récepteur membranaire présent chez l'insecte. Cette activité de liaison, détectée chez les insectes sensibles, est totalement absente chez les insectes résistants.

La structure tridimensionnelle du peptide, ainsi que l'appariement des ponts disulfure ont été établis par RMN et modélisation moléculaire. PA1b appartient à la famille des *cystine-knot inhibitors* (ICK). L'identification de fortes similarités structurales entre PA1b et une toxine d'araignée, les deux protéines ayant pour cible des insectes, a permis de suggérer pour PA1b un mode d'action faisant intervenir le blocage de canaux ioniques. En collaboration avec le laboratoire PICM de Lyon, des études électrophysiologiques ont donc été menées sur des cellules Sf9. Ces études montrent que la liaison de la toxine sur la membrane cellulaire entraîne une dépolarisation réversible de la membrane. Le pH a une influence sur la réponse de la cellule à PA1b, et la bafilomycine, qui est un inhibiteur connu de V-ATPase, a les mêmes effets que PA1b sur les cellules. Ces travaux permettent donc de supposer que PA1b est capable de bloquer une V-ATPase membranaire des cellules Sf9. La V-ATPase est une pompe à protons utilisant l'ATP. Elle est essentielle chez les insectes, puisqu'elle fournit au niveau de l'intestin l'énergie par un gradient de proton qui sert à l'absorption des nutriments. La V-ATPase d'insectes est constituée de 14 sous-unités organisées en deux complexes : le complexe Vo est membranaire et comprend quatre sous-unités (notées a, c, d et e), dont la c et la a forment le canal proton. Le complexe V1 est lui cytosolique et porte la fonction ATPasique.

Le clonage et le séquençage des quatre sous-unités membranaires, suspectées d'être le site de fixation de la toxine, ont permis de mettre en évidence dans la sous-unité c une mutation ponctuelle entre les souches sensibles et les souches résistantes. Les trois autres sous-unités ne présentent aucune différence au niveau protéique. La sous-unité c est donc potentiellement le récepteur à PA1b.

O.09 Étude du mode d'action des acides dicaféoylquiniques, molécules naturelles aphicides

S. Servier¹, M.H. Sauge¹, G. Febvay², M.N. Corre³, C. Croset³, J.P. Lacroze¹, Y. Rahbé², J-L. Poëssel³

stephanie.servier@avignon.inra.fr

¹ INRA, UR1115, Plantes et Systèmes de culture Horticoles, Site Agroparc, F-84914 AVIGNON – ² Université de Lyon, INRA, INSA-Lyon, UMR 203 BF2I, Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, Bat. Louis Pasteur, 20 av. Albert Einstein, F-69621 VILLEURBANNE – ³ INRA, UR 1052, Unité de Génétique et d'Amélioration des Fruits et Légumes, Domaine Saint Maurice, BP 94, F-84143 MONTFAVET

Les propriétés toxiques ou répulsives de nombreuses molécules naturelles vis-à-vis des pucerons ont été décrites. Dans le cadre d'une étude fonctionnelle de la résistance du pêcher au puceron vert *Myzus persicae*, nous avons mis en évidence l'activité aphicide des acides dicaféoylquiniques (diCQ), composés phénoliques dérivés de l'acide caféique, et leur rôle potentiel comme effecteurs de la résistance. Les diCQ qui comprennent différentes formes isomères ont été identifiés chez de nombreuses espèces d'intérêt agronomique appartenant à diverses familles botaniques. Fréquemment présents, parfois en abondance, dans les produits végétaux consommés (café, artichaut, carotte, laitue...), ils présentent l'originalité d'être également des molécules antioxydantes, considérées comme bénéfiques pour la santé.

Dans le cadre du projet ANR « Emergence-bio » *Hortibiopé* destiné à valoriser ces molécules comme biopesticides, nous avons étudié leur mode d'action sur les pucerons par diverses méthodes et techniques *in vitro*: 1) des tests permettant d'évaluer sur milieu synthétique d'élevage l'activité biologique (répulsion et toxicité) des molécules ; 2) l'enregistrement électronique du comportement de piqûre du puceron à l'aide de la technique d'électropénétrographie (EPG) et 3) un suivi de l'ingestion par le puceron par marquage radioactif du milieu.

Un effet répulsif très important du 3,5-diCQ, principal isomère présent chez le pêcher, a été mis en évidence chez *M. persicae*. L'effet du 3,5-diCQ est beaucoup plus important que celui de l'acide chlorogénique (acide 5-caféoylquinique), son précurseur métabolique. Nous avons également observé un effet très marqué du 3,5-diCQ sur la mortalité larvaire de *M. persicae*, qui augmente progressivement au cours du développement de l'insecte. En revanche, la mortalité n'excède jamais 10% pour l'acide chlorogénique.

L'étude du spectre d'action du 3,5-diCQ a montré sa forte toxicité pour deux autres espèces de puceron, ce qui suggère que le caractère toxique du 3,5-diCQ est général pour cette famille d'insectes. En revanche, les régioisomères du 3,5-diCQ montrent de manière inattendue des effets très variables sur *M. persicae* : certains ne présentent qu'une faible activité répulsive et aucune toxicité pour l'insecte.

L'analyse en EPG du comportement alimentaire de *M. persicae* en présence de 3,5-diCQ suggère que l'ingestion de la molécule est indispensable à sa détection par le puceron. Le suivi d'ingestion par marquage radioactif corrobore les résultats obtenus en EPG : en prenant en compte la toxicité de la molécule, on observe une ingestion comparable du milieu nutritif supplémenté ou non en 3,5-diCQ.

La connaissance du mode d'action des diCQ sur les pucerons apparaît déterminante pour le développement de ces molécules comme biopesticides et pour l'élucidation des mécanismes de résistance du pêcher au puceron vert.

O.10 Development of a novel and efficient transformation system in *Anopheles gambiae* for functional analysis of *Plasmodium falciparum* - *Anopheles* interactions

E. Pondeville^{1,2}, A. Bisson³, J-C. Jacques³, J. Sautereau^{1,2}, P. Eggleston⁴, C. Bourgoïn^{1,2,3}

emilie.pondeville@pasteur.fr

¹ Institut Pasteur, Génétique et Génomique des Insectes Vecteurs, F-75224 PARIS cedex 15 – ² CNRS URA 3012, Hôtes, vecteurs et agents infectieux : biologie et dynamique, F-75224 PARIS cedex 15 – ³ Centre de Production et d'Infection des Anophèles, Institut Pasteur, F-75224 PARIS cedex 15 – ⁴ Centre for Applied Entomology and Parasitology, Research Institute for Science and Technology in Medicine, Keele University, UNITED KINGDOM

Le moustique *Anopheles gambiae* est le principal vecteur africain de *Plasmodium falciparum*, parasite responsable du paludisme chez l'Homme, qui provoque le décès d'environ 1 million d'individus par an. La situation est d'autant plus préoccupante que depuis plusieurs années, les parasites et les moustiques développent de plus en plus de résistances aux médicaments et aux insecticides respectivement. Aucun vaccin n'est aujourd'hui disponible. Il est donc nécessaire de développer de nouvelles stratégies pour limiter la propagation du paludisme. L'identification des mécanismes contrôlant la réceptivité des Anophèles à *P. falciparum* constitue une des bases à l'émergence de nouvelles stratégies dont certaines reposent sur l'utilisation de moustiques génétiquement modifiés chez lesquels le parasite ne se développe plus. Une telle approche vise à remplacer la population de moustiques sauvages par des moustiques transgéniques réfractaires au parasite.

Les analyses génomiques, génétiques et transcriptomiques ont permis depuis quelques années d'identifier des gènes candidats impliqués dans la réceptivité d'*A. gambiae* à *P. falciparum*. Ainsi, notre laboratoire a identifié chez *A. gambiae* des carboxypeptidases B (CPB) digestives, impliquées dans le développement du parasite chez le moustique. Néanmoins, les analyses fonctionnelles *in vivo* sont jusqu'à présent limitées par le manque d'un système efficace de transgénèse stable chez *A. gambiae*. Afin de palier cette situation, nous développons actuellement chez *A. gambiae* un nouveau système de transgénèse basé sur l'intégrase du bactériophage ϕ C31. Cette intégrase catalyse normalement la recombinaison entre un site *attB* présent dans le génome de *Streptomyces lividans* et un autre site, *attP*, présent dans le génome du phage. Cette recombinaison permet l'intégration du génome du phage encadré par deux nouveaux sites hybrides *attR* et *attL*, qui ne sont plus reconnus par l'intégrase. Pour transposer ce système à la transgénèse d'un organisme, le site *attP* est d'abord intégré dans le génome par transgénèse classique *via* un transposon, pour créer une lignée dite « réceptrice » dont les traits de vie comme la longévité, la fertilité et dans notre cas la réceptivité à *Plasmodium*, ne sont pas modifiés. La construction plasmidique, contenant le transgène à intégrer ainsi que le site *attB*, est ensuite co-injectée avec l'intégrase ϕ C31, dans des embryons de la lignée réceptrice. La recombinaison entre les sites *attP* et *attB* permet alors l'intégration du transgène dans le génome de l'organisme. Une fois la lignée « réceptrice » établie, le système de transgénèse ϕ C31 présente plusieurs avantages en comparaison avec les autres systèmes de transgénèse. En effet, ce système permet : 1/ une intégration du transgène à un site spécifique, le site *attP*, limitant les problèmes de position comme la mutagenèse insertionnelle ; 2/ une intégration irréversible qui est donc stable ; 3/ l'intégration de grands fragments d'ADN ; 4/ une meilleure efficacité de transformation. La mise en place et la validation du système ϕ C31 chez *A. gambiae* nous permettront à terme d'aborder l'analyse fonctionnelle de gènes impliqués dans la susceptibilité/résistance d'*A. gambiae* à *P. falciparum*, et en particulier des carboxypeptidases B digestives.

O.11 URBANBEES, un programme européen LIFE pour valoriser la biodiversité des abeilles en ville

H. Mouret¹, C. Sabah¹, F. Vyghen¹, L. Guilbaud², C. Visage², B. Vaissière²

hmouret@arthropologia.org

¹ Arthropologia, 7 place de l'église, F-69210 LENTILLY – ² INRA, UMR 406 Abeilles et Environnement INRA-UAPV, F-84914 AVIGNON Cedex 9

On compte près de 1000 espèces d'abeilles (Apiformes) en France, parmi lesquelles l'abeille domestique *Apis mellifera*, mais aussi les bourdons, mégachiles, osmies et autres xylocoptes. Toutes contribuent au service de pollinisation, et donc à la reproduction sexuée, d'une majorité d'espèces de plantes sauvages et cultivées. Ces populations d'abeilles sont aujourd'hui en déclin en Europe aussi bien en abondance qu'en diversité et de nombreuses actions sont en cours pour essayer de renverser cette tendance. Dans le cadre de l'essor actuel des travaux en écologie urbaine, des études récentes, menées principalement aux USA à ce jour, ont montré que la faune d'abeilles sauvages des milieux urbains et périurbains pouvait être riche et abondante, de sorte que ces zones pourraient constituer des zones refuge intéressantes.

Le programme européen LIFE+ Biodiversité URBANBEES, acronyme pour *URBAN BEE biodiversity action plans* (2010-2014) vise à conserver et augmenter la biodiversité des abeilles sauvages dans les milieux urbains et périurbains. Ce programme est original et ambitieux à plus d'un titre : D'abord il ne vise pas une seule espèce, comme la plupart des programmes LIFE Biodiversité, mais l'ensemble de la faune d'abeilles sauvages. Ensuite ce programme est focalisé à dessein sur les milieux urbains et périurbains, c'est-à-dire ceux qui concentrent aujourd'hui la majorité de la population en France comme en Europe. Enfin ce programme associe plusieurs partenaires (villes de Lyon et de Villeurbanne, Université de Lyon avec le CCSTI, et Natural History Museum of London) autour d'une structure de recherche (l'UMR406 de l'INRA) qui assure la coordination scientifique et administrative et d'une association naturaliste lyonnaise (Arthropologia) qui assure la coordination opérationnelle.

L'objectif principal d'URBANBEES est la mise au point et la validation d'un plan de gestion pour conserver et favoriser la biodiversité des abeilles sauvages dans les milieux urbains et périurbains. Cette biodiversité sera d'abord mesurée sur deux ans et comparée à celle des milieux agricoles et semi-naturels du Grand Lyon dans le cadre d'une thèse qui examinera les relations entre diversité floristique et diversité de la faune d'abeilles dans ces différents milieux. La présentation montrera les bases et composantes de ce plan, notamment les aménagements spécifiques (sites de nidification) et les éléments de conduite appropriée des espaces verts en vue d'augmenter les habitats favorables aux abeilles sauvages. Ces composantes sont élaborées de façon à être reproductibles dans les autres villes européennes et leur impact sur la faune d'abeilles sauvages sera mesuré. Enfin nous présenterons comment URBANBEES s'attachera à sensibiliser le public urbain local et européen à l'importance de la biodiversité et des interactions entre les organismes en s'appuyant sur les abeilles sauvages et le service de pollinisation qu'elles assurent, ceci en vue de favoriser la cohabitation de l'Homme et de la Nature en ville.

O.12 Mutualisme et pollinisation par duperie olfactive : cas du palmier à huile et des *Elaeidobius* spp.

B. Frérot¹, L. Ollivier²

brigitte.ferot@versailles.inra.fr

¹ INRA UMR PISC, Laboratoire d'Ecologie chimique, Route de St Cyr F-78000 VERSAILLES – ² CIRAD, UPR 31, Unité de Recherche Bioagresseurs des Cultures Pérennes, c/o CSIRO European Laboratory Campus International de Baillarguet, F-34398 MONTPELLIER cedex 5

Elaeis guinensis J. est une espèce monoécique, dont la pollinisation est assurée par des insectes coléoptères du genre *Elaeidobius* spp. Ces insectes et leur plante hôte ont établi une relation mutualiste. Les insectes pollinisent les fleurs femelles et se développent sur les inflorescences mâles. La pollinisation repose sur la duperie olfactive ; la fleur femelle imitant le bouquet odorant de la fleur mâle. Des études comportementales au laboratoire et sur le terrain, couplées à des données de physico-chimie mettent en évidence un système complexe dont les principaux éléments sont les suivants : les insectes distinguent sur la base de l'olfaction les fleurs mâles des fleurs femelles, leurs stades physiologiques. Les composés organiques volatils (COVs) produits par les deux types d'inflorescences présentent des similitudes et des différences qui peuvent expliquer les comportements de choix, et le maintien d'un système performant bien qu'évoluant dans un milieu dont les composantes sélection et fitness sont dépendantes de l'activité humaine. La co-évolution dans un environnement agronomique et de fait fortement anthropisé sera discutée.

O.13 Suivi spatio-temporel de *Chrysochus asclepiadeus* (Col. Chrysomelidae), un candidat pour le contrôle biologique des domptes-venin (Apocynaceae)

M. Augé, R. Sforza

rsforza@ars-ebcl.org

USDA-ARS- European Biological Control Laboratory, Campus International de Baillarguet CS90013 Montferrier sur Lez, F-34988 ST-GELY DU FESC

À l'échelle mondiale, les invasions biologiques représentent la deuxième cause de perte de biodiversité dans les agro-écosystèmes, après la destruction des habitats. Aux États-Unis, 50 000 espèces exotiques sont recensées, dont la moitié sont des plantes. Parmi elles, 3 espèces de dompte-venin (Apocynaceae), *Vincetoxicum nigrum*, *V. rossicum* et *V. hirundinaria* originaires d'Eurasie, sont invasives en Amérique du nord. Les deux premières espèces forment de vastes peuplements mono-spécifiques dans des parcs et réserves naturels, mais également en milieu urbain et agricole. Différents moyens de lutte (arrachage mécanique, lutte chimique) ont été testés en vain. C'est pourquoi, un contrôle biologique classique avec des insectes phytophages est en cours d'étude dans notre laboratoire.

Une dizaine d'espèces d'insectes a été recensée sur *Vincetoxicum* spp. en Eurasie. Notre étude porte sur la chrysomèle *Chrysochus asclepiadeus* (Col. : Chrysomelidae) dont l'adulte est phyllophage et la larve se nourrit des racines de la plante-hôte naturelle, *V. hirundinaria*. Nous avons réalisé un test *in natura* de dispersion spatio-temporelle d'adultes marqués, avec obtention de données bio-éthologiques dans les conditions d'un lâcher expérimental d'un potentiel auxiliaire de contrôle biologique. Les objectifs sont de : i) connaître les paramètres du déplacement de cette chrysomèle ; ii) obtenir des données comportementales sur l'accouplement et la ponte ; iii) définir le type d'attraction opéré par la plante sur l'insecte.

Les adultes ne pouvant voler, le choix du site expérimental s'est porté sur un champ situé au nord de Montpellier (34), ouvert et homogénéisé par un labour. Nous avons préparé un cercle de 30m de rayon et 2 827m² où sont positionnés 48 fanions (24 rouges et 24 jaunes) le long d'un axe horizontal, vertical et de deux axes diagonaux. Les fanions sont espacés entre eux de 5m depuis le centre jusqu'à la périphérie. Le cercle est quadrillé selon un maillage de 2x2m et chaque carré porte un code alphanumérique.

Une flore spontanée s'est installée dans le cercle, et nous avons disposé des groupes de 5 plantes de *V. hirundinaria* provenant du mont Ventoux (84) de part et d'autre des fanions rouges en alternant à gauche et à droite sur 2m tous les 5m. Des plantes ont été également disposées sur les axes diagonaux, entre les fanions jaunes, à 12,5 et 22,5m.

Ce sont 300 adultes (*sex-ratio* 1:1), âgés de 15 jours et récoltés dans le Jura (39), qui ont fait l'objet d'un marquage numérique à l'aide de pastilles « Bee marking kit » Thorne[®] collées sur le pronotum. Le lâcher a été effectué au centre du cercle fin juin 2010, suivi d'observations et comptages quotidiens sur 30 jours. Les femelles ayant un comportement d'enfouissement lors de la ponte, nous avons levé ce biais en effectuant des comptages suivant le « Pollock's robust design ».

Nous présenterons ici : i) la distance moyenne parcourue par un individu en 24h, puis sur la durée de l'essai grâce aux captures-recaptures ; ii) le couplage des résultats avec les données météorologiques, et ainsi le comportement des insectes face aux variations micro-climatiques ; iii) le rôle éventuel des vents dans la chémoréception durant l'attraction des chrysomèles par les plantes.

O.14 Une stratégie efficace de lutte biologique en combinant lâchers inondatifs et conservation

E. Tabone¹, E. Roux², R. Goebel³, E. Colombel¹, C. Clain², M. Marquier², J. Frandon⁴, J. Bodendörfer¹, A. Bonnet¹, H. Do Thi Khanh¹

tabone@sophia.inra.fr, hong.do@sophia.inra.fr

¹Unité de lutte biologique, INRA - Centre de Sophia Antipolis, 400 route des CHAPPES, F-06903 SOPHIA-ANTIPOLIS – ²Département de Mise au Point des Méthodes de Lutte, FDGDON-Réunion, F-97460 SAINT-PAUL, LA RÉUNION – ³Unité de Recherche Systèmes cultures annuelles, CIRAD, F-34398 MONTPELLIER cedex 5 – ⁴BIOTOP SAS, Route de Biot - D4, F-06560 VALBONNE

La lutte biologique par lâchers inondatifs de trichogrammes contre les lépidoptères ravageurs est une stratégie communément utilisée dans de nombreux pays. A l'île de la Réunion, le contrôle biologique d'un ravageur-clé de la canne à sucre, *Chilo sacchariphagus*, par l'utilisation de son parasitoïde oophage, *Trichogramma chilonis*, a été le sujet d'une recherche intensive depuis 10 ans. Ce travail est le fruit d'une collaboration entre l'INRA Sophia-Antipolis, le CIRAD Montpellier et la FDGDON la Réunion. Depuis 2009, le partenaire privé BIOTOP nous a rejoints pour finaliser le développement de ce projet.

Après une étude de faisabilité, différentes étapes de recherche ont été envisagées : (i) étude du ravageur et des dégâts causés, (ii) recherche d'auxiliaires, (iii) stratégies de lâchers, (iv) optimisations des stratégies de lâchers (dose, fréquence, période, conditionnement, émergences étalées), optimisations de la production de masse (hôte d'élevage, stockage) et améliorations génétiques (sélection, hybridation), (v) vérifications au champ. Nous présentons ici ce projet dans sa globalité avec les avancées majeures, les problèmes rencontrés, ainsi que les améliorations envisagées. Une réduction de 50% des dégâts causés par le ravageur est obtenue avec l'utilisation de *T. chilonis*. De plus, cette espèce montre une capacité de résistance au froid, ce qui est économiquement intéressant à la fois pour les biofabriques et pour la gestion des lâchers au champ. Actuellement nous sommes en phase d'optimisations et de transfert pour développer la méthode à grande échelle.

O.15 Recognition in ants: when social origin matters

J. Meunier^{1,2}, M. Chapuisat¹, O. Delémont³, C. Lucas¹

joel.meunier@unibas.ch

¹ Université de Lausanne, Département d'Ecologie et Evolution, Biophore, Unil-Sorge, 1015 LAUSANNE, SUISSE –

² Université de Bâle, Zoological Institute, Evolutionary Biology, Vesalgasse 1, 4056 BASEL, SWITZERLAND –

³ Université de Lausanne, Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, 1015 LAUSANNE, SUISSE

The ability of group members to discriminate against foreigners is a keystone in the evolution of sociality. In social Hymenoptera, changes in the number of queens per colony may influence the ability of resident workers to discriminate against foreign conspecifics. Using the socially polymorphic ant *Formica selysi*, we investigated whether eggs and workers originating from single- or multiple-queen colonies differed in their chemical profiles, which could interfere with the workers' ability to discriminate against foreign eggs. Our chemical analyses revealed that the social origin of eggs and workers were associated with quantitative differences in hydrocarbon profiles. Moreover, we showed that the social origin of foreign eggs influenced their acceptance by resident workers, as foreign eggs from multiple-queen colonies had a significantly higher acceptance rate than foreign eggs from single-queen colonies. By contrast, the social origin of resident workers did not influence the discrimination against foreign eggs. We conclude that the social origin of *F. selysi* eggs influences the workers nestmate recognition system, possibly through specific chemical cues. Overall, these results offer several perspectives for the study of nestmate recognition and the evolution of discrimination cues in complex social systems.

O.16 Étude du comportement grégaire chez les larves de *Lucilia sericata* (Diptera Calliphoridae)

D. Charabidze, V. Hedouin, D. Gosset

damien.charabidze@univ-lille2.fr

Université Lille 2, Institut de Médecine Légale, Place de Verdun, F-59045 LILLE Cedex

Les femelles de *Lucilia sericata* (Diptera Calliphoridae) déposent des grappes d'environ 200 œufs sur des cadavres animaux. Les larves se nourrissent des tissus en décomposition ; leur durée de développement est principalement dépendante de l'espèce et de la température. De l'éclosion jusqu'au stade prépupe, les larves présentent un comportement grégaire marqué. Les individus sont rarement observés isolés, et forment systématiquement des agrégats : chaque femelle pondant une grande quantité d'œufs, il n'est pas rare d'observer en conditions naturelles des masses de plusieurs milliers d'individus. Supposé lié à la défense contre les prédateurs et à l'alimentation, ce comportement collectif peut également engendrer une augmentation importante de la température locale, et ainsi accélérer le développement des larves. De très nombreuses observations attestent de l'importance et de la systématité du phénomène : des écarts de 25°C entre la température extérieure et celle enregistrée au sein de la masse ont été rapportés, tandis que des températures supérieures à 40°C et pouvant aller jusqu'à 50°C ont été observées. Ce comportement est cependant relativement mal connu car peu étudié.

La présente étude s'intéresse à la description et l'analyse des comportements liés au grégarisme ainsi qu'à la caractérisation du dégagement thermique résultant. Dans un premier temps, des observations de terrain ont été effectuées sur de très grandes masses larvaires. Ces observations ont permis de mettre en évidence la structuration sous-jacente des agrégats, et l'existence d'un lien entre cette organisation et le dégagement thermique. Des expériences en conditions contrôlées ont ensuite été conduites afin de préciser les paramètres gouvernant l'émission de chaleur par les masses larvaires. Les données obtenues indiquent un effet conjoint de la température ambiante et du nombre d'individus dans l'agrégat. Un modèle théorique d'interactions entre les différents paramètres impliqués dans l'augmentation locale de température due aux masses larvaires a ainsi pu être proposé.

O.17 Le gène *for* ferait-il des ravages !

B. Chouquet¹, F. Chardonnet¹, B. Le Rü^{1,2}, C. Capdevielle-Dulac¹, J-F. Silvain¹, L. Kaiser^{1,3}

bastien.chouquet@legs.cnrs-gif.fr

¹ Laboratoire Evolution, Génomes et Spéciation, CNRS UPR 9034, IRD UR72 et Univ Paris-Sud Orsay, 1 Avenue de la Terrasse, F-91198 GIF-SUR-YVETTE cedex – ² ICIPE - African Insect Science for Food and Health, Duduville Campus, Kasarani, P.O. Box 30772 - 00100 NAIROBI, KENYA – ³ Physiologie de l’Insecte, Signalisation et Communication, INRA, Centre de Versailles-Grignon, Route de St Cyr, F-78026 VERSAILLES Cedex

Les insectes ravageurs sont un problème important pour l’agriculture, particulièrement critique dans les pays en voie de développement où ils s’attaquent aux cultures vivrières. Notre équipe étudie les mécanismes qui permettent à des espèces issues d’environnements naturels de s’adapter aux agrosystèmes, ces espèces devenant souvent des ravageurs de cultures. Nous étudions un groupe africain de noctuelles foreuses de tiges du genre *Sesamia*. Parmi ces espèces, *S. calamistis* et *S. nonagrioides* présentent toutes deux des populations génétiquement distinctes qui sont associées à des plantes hôtes différentes. Au Kenya, chaque espèce est subdivisée en une population se développant sur Poacées sauvages et une population ravageuse se développant sur céréales cultivées (maïs, sorgho). Les modifications comportementales liées à un changement de plante hôte pourrait être influencées par le gène *foraging* (*for*), qui contrôle le comportement de locomotion en lien avec l’alimentation chez plusieurs groupes d’insectes. Ainsi, chez la Drosophile et la Chrysomèle du maïs, le gène *for* présente une variation allélique corrélée à des différences physiologiques et comportementales dans l’exploitation des ressources alimentaires. Une telle variation allélique entre les populations “sauvages” et ravageuses de noctuelles pourrait expliquer leur adaptation à différentes plantes hôtes. Pour confirmer cette hypothèse, nous avons séquencé le gène *for* et mis en évidence une variation allélique. Les différents allèles séquencés jusqu’à maintenant donnent en tout deux isoformes de la protéine codée par le gène *for*. Chacune des deux isoformes est présente chez les deux espèces. D’après les insectes échantillonnés jusqu’à présent, une isoforme est majoritairement retrouvée chez les populations “sauvages” et l’autre principalement chez les populations ravageuses. Cela suggère que le gène *for* pourrait être un facteur de préadaptation à une modification des ressources alimentaires. Nous mettons actuellement au point une approche de PCR quantitative pour mettre en évidence une possible différence dans le niveau d’expression du gène *for* entre ces deux populations. Pour confirmer l’influence potentielle d’une modification d’expression de ce gène sur les comportements de fourragement des chenilles, nous avons mis au point une approche pharmacologique couplée à un système d’enregistrement automatisé des comportements. Les premiers résultats indiquent qu’une modification du niveau d’activité de la protéine codée par le gène *for* modifierait les comportements locomoteurs des chenilles.

O.18 Transcription profiling of eleven cytochrome P450s potentially involved in xenobiotic metabolism in the mosquito *Aedes aegypti*

R. Poupardin¹, M.A. Riaz¹, J. Vontas², J-P. David¹, S. Reynaud¹

rodolphe.poupardin@e.ujf-grenoble.fr

¹ Laboratoire d'Écologie Alpine, CNRS-UMR 5553, Université Joseph Fourier, BP 53, F-38041 GRENOBLE cedex 09 – ² Department of Biology, Faculty of Biotechnology and Applied Biology, Laboratory Molecular Entomology, University of Crete, HERAKLEION, CRETE, GREECE

Transcription profiles of eleven *Aedes aegypti* P450 genes from CYP6 and CYP9 subfamilies potentially involved in xenobiotic metabolism were investigated. Many genes were preferentially transcribed in tissues classically involved in xenobiotic metabolism including midgut and malpighian tubules. Life-stage transcription profiling revealed important variations between larvae, pupae and adult male and females. Exposure of mosquito larvae to sub-lethal doses of three xenobiotics induced the transcription of several genes with an induction peak after 48 to 72 hours exposure. Several CYP genes were also induced by oxidative stress and one gene strongly responds to 20-hydroxyecdysone. Overall, this study revealed that these P450s show different transcription profiles according to xenobiotic exposures, life stages or sex and identified particular genes likely to have chemo-protective functions in *Ae. Aegypti*.

- Poupardin et al., (2010) *Insect Mol. Biol.* 19:185-93

O.19 Étude de la ségrégation et de l'adaptation environnementale chez deux espèces naissantes d'Anophèles au Burkina Faso

G. Gimonneau¹, M. Pombi², J. Bouyer³, M. Choisy⁴, A. Diabate⁵, S. Morand⁶, C. Costantini^{1,7}, F. Simard^{1,5}

geoffrey.gimonneau@ird.fr

¹ IRD, UR016 CCPV, MONTPELLIER – ² Sezione di Parassitologia, Dipartimento di Scienze di Sanità Pubblica –

³ CIRAD, UMR CIRAD-INRA 1309, MONTPELLIER – ⁴ IRD, UMR CNRS-IRD 2724, MONTPELLIER – ⁵ IRSS-DRO, BOBO DIOULASSO, BURKINA FASO – ⁶ ISEM, UMR CNRS 5554, MONTPELLIER – ⁷ OCEAC, YAOUNDÉ, CAMEROUN

L'impact de l'Homme sur l'environnement est certainement l'une des premières causes de la diminution de la biodiversité et de l'extinction de nombreuses espèces. Néanmoins, à travers la création de nouvelles niches écologiques, l'homme peut également entraîner l'apparition de nouvelles espèces par le biais de la sélection naturelle. En Afrique de l'Ouest, les moustiques appartenant au complexe d'espèces *An. gambiae s.l.* sont les vecteurs majeurs du paludisme, notamment *An. gambiae s.s.*, espèce nominale du complexe. Cette espèce est elle-même subdivisée en deux formes moléculaires, M et S, génétiquement et écologiquement différenciées. La forme S colonise principalement les gîtes temporaires dépendant des précipitations puis disparaît en saison sèche alors que la forme M se développe préférentiellement dans des collections d'eau pérennes, généralement d'origine anthropique, permettant sa présence (et la transmission du paludisme) tout au long de l'année. Ces deux environnements sont très différents du point de vue des communautés qu'ils hébergent, notamment au niveau des espèces de prédateurs, plus nombreuses et abondantes dans les milieux permanents. Dans ce contexte, notre approche vise à formaliser la ségrégation observée sur le terrain au sein des habitats larvaires, de mesurer expérimentalement la sensibilité de chacune des formes vis-à-vis de la prédation, puis de rechercher les adaptations phénotypiques liées à une éventuelle sensibilité différentielle.

Afin de caractériser la distribution des 2 formes moléculaires, un transect de 15 km a été réalisé dans la région de Bobo-Dioulasso, au Burkina Faso. Le long d'un gradient environnemental partant d'un périmètre rizicole irrigué (gîtes permanents), vers une zone de savane (gîtes temporaires), nous avons décrit les différents habitats larvaires par 13 variables environnementales. Les individus émergeant de ces habitats ont été collectés et identifiés (espèce et forme moléculaire). Au niveau expérimental, des larves (stade 3) issues de femelles gravides capturées sur le terrain ont été simultanément exposées à un prédateur (Notonectidae) afin d'évaluer leur susceptibilité à la prédation. Enfin, des éthogrammes larvaires (actif/non actif) ont été réalisés en présence et absence de prédateur afin d'identifier d'éventuelles adaptations comportementales.

L'analyse de la distribution des formes révèle qu'elles ne sont pas distribuées aléatoirement ($p=0.043$). Trois variables environnementales caractérisent leur ségrégation : la présence de végétation flottante, la distance aux habitations ainsi que la distance au périmètre irrigué. La forme S est essentiellement retrouvée loin du périmètre rizicole alors que la forme M l'exploite seule souvent loin des habitations et en présence de végétation flottante. Vis-à-vis de la prédation, la forme M possède un taux de survie significativement supérieur à celui de la forme S (61% vs 39%, $p<0.001$). Cette différence s'expliquerait par une plasticité comportementale de la forme M, capable de réduire significativement son activité en présence du prédateur, contrairement à la forme S. Il semble ainsi que les modifications environnementales d'origine anthropique ont offert une nouvelle niche écologique à *An. gambiae s.s.* qui a su s'y adapter, notamment par le biais de modifications comportementales. Dans le contexte actuel des changements globaux et des modifications environnementales qui en découlent, comprendre les modalités d'évolution, d'adaptation et ultimement de spéciation au sein de ce vecteur est crucial.

O.20 La distribution spatiale des ressources façonne-t-elle la dynamique de la mémoire ? *Venturia canescens* sur le gril

L. Froissart, S. Sauzet, E. Desouhant

froissart@biom.serv.univ-lyon1.fr

Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive, UMR CNRS 5558, Université Claude Bernard Lyon1, 43 bd du 11 novembre 1918, F-69622 VILLEURBANNE

Afin de produire des réponses comportementales adaptées dans un environnement changeant, dans l'espace et dans le temps, les animaux peuvent utiliser des informations, qu'elles soient présentes ou passées. L'utilisation d'informations passées implique la mise en place de la mémoire. Or, la mémoire se présente en différentes phases : il existe les mémoires à court, moyen et long terme, et ce, chez tous les animaux où le phénomène a été étudié. Chaque phase est caractérisée par un mécanisme physiologique, une durée de rétention de l'information et une dynamique de formation qui lui sont propres. Mais, si chacun de ces types de mémoire se retrouve quelle que soit l'espèce étudiée, les dynamiques de formation et les durées de rétention peuvent varier de façon très significative. Menzel (1999) a émis l'hypothèse que la dynamique de ces phases de mémoire est adaptée aux besoins d'approvisionnement des individus dans leur milieu naturel, et est à mettre en relation avec la distribution spatiale des ressources dans l'environnement.

Nous avons testé cette hypothèse dans le cas d'un Hyménoptère parasitoïde capable d'apprentissage associatif, *Venturia canescens*. Cette guêpe présente deux modes de reproduction, très proches phylogénétiquement mais confrontés à des ressources distribuées différemment. Les individus arrhénotoques se rencontrent exclusivement en milieu naturel où ils recherchent des hôtes présents dans l'environnement à faible densité, mais de façon homogène. Les individus thélytoques se trouvent essentiellement dans des milieux anthropiques, tels que les moulins ou les silos, où les hôtes ont une distribution agrégée, c'est-à-dire sont présents dans le milieu avec des densités hautement variables.

Notre objectif est de comparer la dynamique des mémoires entre les deux modes de reproduction. Nous prédisons que les arrhénotoques sont capables d'associer une odeur avec la présence d'hôtes plus rapidement et pendant plus longtemps que les thélytoques : en milieu naturel, une telle association serait plus fiable qu'en milieu anthropique et serait un réel avantage dans la recherche d'hôtes fortement dispersés dans l'environnement. Des individus de chacun des modes de reproduction ont été soumis à un simple ou à plusieurs événements d'apprentissage associatif puis leur comportement a été testé à différents intervalles de temps, afin de mettre en évidence la dynamique temporelle de la trace de mémoire.

O.21 Coexistence d'insectes phytophages et partitionnement temporel de l'exploitation d'une ressource pulsée

P-F. PéliSSon, M-C. Bel-Venner, F. Menu, S. Venner

pelisson@biomserv.univ-lyon1.fr

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

L'un des défis majeurs à relever pour comprendre l'organisation de la biodiversité, est de déterminer si les communautés d'espèces compétitrices sont structurées par des différences dans leurs traits phénotypiques (théorie des niches) ou principalement par des processus aléatoires (théorie neutre de la biodiversité). Les communautés d'insectes phytophages en compétition pour les fruits ou graines produits par des hôtes végétaux qui font du « masting » (*i.e* ressource pulsée) sont des systèmes potentiellement appropriés pour tester ces deux théories : en effet des études de terrain, à relativement court terme, suffisent à déterminer le niveau de synchronie des dynamiques des espèces compétitrices en réponse aux pulses et ainsi à inférer la nature de leur coexistence (neutre vs stable).

Nous avons exploré les mécanismes de coexistence de quatre espèces d'insectes phytophages du genre *Curculio* en compétition pour l'exploitation des glands de chênes. Notre étude a montré que ces espèces exploitent les fruits à des moments différents (partitionnement temporel intra- et inter-annuel très marqué) et que leurs dynamiques de population étaient fortement asynchrones. Ces résultats supportent la théorie des niches. Cependant, deux des quatre espèces utilisent les ressources au même moment et présentent des dynamiques synchronisées, ce qui corrobore plutôt la théorie neutre de la biodiversité. Nos résultats fournissent donc de premiers arguments empiriques en faveur d'une théorie unifiée de la biodiversité.

O.22 Changement climatique et adaptation : réponse des populations d'un Hyménoptère parasitoïde à différents régimes de température

E. Delava, P. Gibert, D. Charif, R. Allemand, F. Fleury

emilie.delava@hotmail.fr

Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive, UMR CNRS 5558, Université Claude Bernard Lyon1, 43 bd du 11 novembre 1918, F-69622 VILLEURBANNE

La température moyenne à l'échelle de la planète a augmenté d'environ 0,6°C au cours des 100 dernières années, avec de plus ou moins fortes variations suivant les localités. Ce changement entraîne des conséquences écologiques majeures, en exerçant de nouvelles pressions de sélection sur les espèces. Les populations peuvent alors montrer plusieurs types de réponses : se disperser dans des habitats plus favorables ou rester et s'adapter aux changements de conditions, soit par plasticité phénotypique, soit en s'adaptant génétiquement sous l'effet des contraintes sélectives locales.

A l'échelle de la France, les principales prédictions du changement climatique jusqu'à la fin du XXI^{ème} siècle font état d'une augmentation de la température en toutes saisons, d'une augmentation des pluies en hiver et d'une diminution des pluies en été. Face à ces variations, la structure et le fonctionnement des communautés d'insectes, et notamment les associations hôtes-parasitoïdes dont les deux partenaires sont des insectes, peuvent se trouver fortement affectés, ces derniers étant très sensibles aux variations de température. *Leptopilina boulardi* (Hyménoptères : Figitidae), espèce méditerranéenne parasitoïde de drosophiles, montre actuellement une extension de son aire de répartition vers le nord. Sa limite septentrionale s'est ainsi déplacée de plus de 50 km en une dizaine d'années. Cette progression de *L. boulardi* pourrait s'inscrire dans un contexte d'invasion, suite à une introduction accidentelle en Europe. Le réchauffement climatique pourrait également être responsable de la remontée du parasitoïde en permettant aux populations de l'aire marginale de continuer à s'étendre. Ces deux hypothèses ne sont pas mutuellement exclusives.

Après avoir analysé des données de température quotidiennes (maximales et minimales) pour 10 stations, réparties selon un gradient latitudinal le long de la vallée du Rhône, sur les 30 dernières années, nous avons mis en évidence une importante augmentation de la température dans toutes les stations au printemps et en été, dépassant parfois 3°C, ce qui pourrait être un des éléments expliquant le changement d'aire de répartition de *L. boulardi*.

Afin de comprendre si ces variations de températures ont un impact sur la remontée de *L. boulardi*, les normes de réaction de plusieurs traits d'histoire de vie importants pour la fitness ont été mesurées chez deux populations de l'aire centrale et deux populations de l'aire nouvellement colonisée soumises à des thermopériodes journalières différentes. Quatre régimes de température mimant les fluctuations quotidiennes observées en conditions naturelles ont été utilisées, les températures moyennes variant de 19,7°C à 24,2°C (tous les 1,5°C).

L'analyse des normes de réaction de ces traits d'histoire de vie permettra de mesurer la capacité de réponse des différentes populations de parasitoïdes à des hausses de température.

S'il s'avère que la progression de *L. boulardi* est liée à la mise en place, dans l'aire nouvellement colonisée, de conditions favorables à son développement et à son maintien (du fait du changement climatique), nous pouvons alors nous attendre à ce que son profil thermique soit étroit, indiquant une spécialisation thermique de ce parasitoïde.

O.23 Apport de la biologie évolutive à la compréhension d'une épidémie : le cas d'un pathosystème psylle / phytoplasme / *Prunus*

N. Sauvion¹, J. Peccoud¹, D. Pleydel¹, V. Marie-Jeanne², P. Limon¹, J. Peyre¹, G. Labonne¹

sauvion@supagro.inra.fr

¹ INRA, UMR-BGPI (INRA-CIRAD-SupAgro), CIRAD TA A-54 / K, Campus International de Baillarguet, F-34398 MONTPELLIER cedex 5 – ² SupAgro, UMR-BGPI (INRA-CIRAD-SupAgro), CIRAD TA A-54 / K, Campus International de Baillarguet, F-34398 MONTPELLIER cedex 5

L'étude de la diversité génétique observée dans les populations naturelles de parasites et de leurs vecteurs peut donner accès à des informations clés sur leur écologie et leur évolution et permettre ainsi d'aider à définir des stratégies de lutte contre les maladies dont ils sont responsables. Par une approche croisant génétique des populations et épidémiologie moléculaire, notre objectif est d'analyser la dynamique spatio-temporelle de l'European stone fruit yellows (ESFY), une maladie touchant principalement l'abricotier et le prunier japonais, induite par un phytoplasme. Celui-ci peut être transmis par greffage ou par le psylle *Cacopsylla pruni*. Cet insecte univoltin se reproduit au printemps sur *Prunus* et migre ensuite pour le reste de l'année sur des conifères, ce qui suppose des migrations entre sites parfois éloignés. Nous avons démontré récemment que le phytoplasme est acquis par les jeunes émergents en juin et que la transmission se fait essentiellement l'année suivante par les réimmigrants en février-avril.

Les travaux menés dans notre équipe visent à déterminer quel peut être le rayon de dissémination de la maladie par son vecteur et quelle est l'importance relative du vecteur, de l'homme et des réservoirs sauvages dans la dissémination de l'ESFY. La présentation décrit les approches que nous avons mises en œuvre pour répondre à ces questions : (i) caractérisation du statut taxonomique du vecteur *C. pruni* (complexe de deux espèces ?) par l'utilisation de différents marqueurs moléculaires (COI, ITS, microsatellites ...) et recherche des facteurs à l'origine de cette spéciation (isolement géographique ? reproductifs ? ...); (ii) établissement d'une carte de distribution des deux espèces vectrices à l'échelle européenne et recherche de facteurs écologiques à l'origine de cette distribution; (iii) estimation des distances de dissémination du phytoplasme via l'estimation des capacités de dispersion des psylles par une analyse de la structuration génétique des populations au sein des deux espèces; (iv) analyse de la variabilité génétique entre populations de phytoplasmes de différentes niches écologiques (abricotiers, *Prunus* sauvages) et dans les deux espèces de psylles vecteurs.

O.24 Impacts croisés de 2 espèces invasives mutualistes sur des communautés indigènes : l'exemple des renouées invasives (*Fallopia* spp.) et de la fourmi *Lasius neglectus*

B. Kaufmann, M. Demarcy, M. Amiez, F. Piola

bernard.kaufmann@univ-lyon1.fr

UMR 5023, Laboratoire d'Écologie des Hydrosystèmes Fluviaux, Université Claude Bernard – Lyon1, 43 bd du 11 novembre 1918, F-69622 VILLEURBANNE

Les espèces invasives sont traditionnellement décrites comme une cause majeure de banalisation des écosystèmes et d'extinction des espèces. Simberloff & Von Holle (1999) sont allés jusqu'à parler d'« invasive meltdown » pour décrire la réaction en chaîne causée par des taxons invasifs se facilitant réciproquement leur installation et surtout leur expansion locale. L'Europe centrale et occidentale est confrontée à un complexe d'espèces du genre *Fallopia*, les renouées invasives, qui dans leur aire d'origine, entretiennent des relations mutualistes facultatives avec les communautés de fourmis : elles offrent du nectar extra-floral (par l'intermédiaire de glandes particulières, les nectaires extra-floraux ou NEFs), en échange d'une protection des jeunes pousses de l'année contre les phytophages. Nous avons trouvé de nombreuses occurrences combinées des renouées et de la fourmi invasive *Lasius neglectus*, dont le régime alimentaire, comme celui des autres espèces locales du même genre, est principalement composé de liquides sucrés, c'est-à-dire de nectaire extra-floral et surtout de miellat de pucerons. S'agit-il donc d'un cas de « réaction en chaîne invasive » comme la décrivent Simberloff & Von Holle (1999), ou bien assiste-t-on à une mécanique plus complexe, les renouées offrant aussi à certaines espèces locales une ressource nouvelle et abondante capable de modifier la diversité et la composition des communautés ?

Notre travail, basé sur l'étude des communautés de fourmis de sites fortement anthropisés en Rhône-Alpes, montre qu'un lien entre les deux taxons invasifs existe : la fourmi invasive semble bénéficier fortement de la présence de la plante et les communautés locales de fourmis sont moins diverses en présence de la fourmi invasive. Il est plus difficile de montrer un effet bénéfique de la présence de la fourmi invasive sur la plante, parce que la phytophagie précoce est limitée dans les sites explorés, en comparaison de données de l'aire d'origine des renouées, ou parce que les communautés locales de fourmis peuvent vraisemblablement offrir le même service à la plante invasive. En conclusion, des deux taxons invasifs, seule la fourmi invasive semble profiter d'une relation mutualiste à l'origine, et paraissant se servir de la plante comme d'un cheval de Troie providentiel pour pénétrer les communautés locales.

O.25 Pourquoi les symbioses termites – flagellés sont-elles évolutivement instables ?

S. Guyot¹, J. Bertaux², A-G. Bagnères¹, D. Bouchon², F. Dedeine¹

franck.dedeine@univ-tours.fr

¹ Institut de Recherche sur la Biologie de l’Insecte (UMR CNRS 6035), Université de Tours, Parc de Grandmont, F-37200 TOURS – ² Laboratoire Ecologie, Evolution, Symbiose (UMR CNRS 6556), Université de Poitiers, 40 av. du Recteur Pineau, F-86000 POITIERS

L’intestin postérieur des termites xylophages (i.e., la panse) possède de nombreuses espèces de protozoaires flagellés nécessaires à la dégradation de la lignocellulose. Ces microorganismes, appartenant à plusieurs lignées d’Eucaryotes (Parabasaliens, Oxymonades) et formant de véritables communautés symbiotiques dans la panse des termites, sont strictement anaérobies et dépendent de leur hôte pour survivre. Il est souvent accepté que ces associations symbiotiques obligatoires sont stables d’un point de vue évolutif. Autrement dit, chaque espèce de flagellé aurait été acquise une seule fois chez un termite hôte « ancêtre » avec lequel il y aurait ensuite co-divergence (i.e., co-cladogenèse). Cependant, plusieurs études montrent que la composition en espèces de flagellés présente d’importantes variations entre familles et genres de termites, révélant que la co-diversification stricte entre termites et flagellés n’a pas eu lieu.

Dans cette étude, nous comparons les communautés de flagellés vivant chez les termites du genre *Reticulitermes* (Isoptera : Rhinotermitidae). Nos observations confirment la présence de onze genres de flagellés chez ces termites (neuf genres de Parabasaliens et deux genres d’Oxymonades). Des observations supplémentaires ainsi que le séquençage d’environ 1800 paires de base de la petite sous unité de l’ARN ribosomal 18S, révèlent une importante diversité spécifique au sein des genres de flagellés. Les analyses phylogénétiques des flagellés extraits (ARNr 18S) et de leurs hôtes (Régions COI et COII) suggèrent que l’histoire co-évolutive des associations *Reticulitermes* – flagellés sont extrêmement complexes, se caractérisant par des événements de co-cladogenèses, mais aussi par des événements de transferts horizontaux et de pertes symbiotiques. Cette étude suggère que même à une échelle évolutive restreinte (i.e., au cours de la diversification du genre *Reticulitermes*), les associations termites – flagellés sont évolutivement instables et présentent une certaine dynamique. Les mécanismes impliqués dans une telle dynamique évolutive seront discutés.

O.26 Plasticité des génomes holocentriques d'insectes

E. d'Alençon¹, H. Sezutsu^{2,3}, F. Legeai⁴, E. Permal⁵, S. Stanojic¹, N. Nègre⁸, S. Bernard-Samain⁶, M. Shimomura³, S. Gimenez¹, C. Gagneur¹, F. Cousserans¹, B. Allassoeur¹, A. Léger¹, A. Abd-Alla¹, S. Juliant¹, A. Brun-Barale², T. Flutre⁵, A. Couloux⁶, P. East⁷, K. Gordon⁷, K. Mita³, H. Quesneville⁵, R. Feyereisen², **P. Fournier¹**

fourniep@supagro.inra.fr

¹UMR1231, INRA, Université MONTPELLIER II – ²UMR1301, INRA, CNRS, Université SOPHIA-ANTIPOLIS – ³Insect Genome Lab, NIAS, TSUKUBA, JAPON – ⁴UMR1099, INRA, INRIA, AgroCampus RENNES – ⁵UR1164, INRA VERSAILLES – ⁶Génoscope, EVRY – ⁷Entomology, CSIRO, CANBERRA, AUSTRALIA – ⁸UPR1142 CNRS, MONTPELLIER

La nature des chromosomes holocentriques suggère une organisation dispersée des déterminants centromériques qui pourrait conduire à une plus grande plasticité génomique, Afin d'en élucider le déterminisme moléculaire nous avons développé une approche multidirectionnelle.

1- Une analyse comparative de 15 BACs contenant des gènes orthologues a été conduite chez 3 espèces de lépidoptères, les deux noctuelles *Spodoptera frugiperda* et *Helicoverpa armigera*, et le ver à soie *Bombyx mori*. Un degré élevé de conservation de synténie a été observée entre les 3 espèces. Toutefois la taille des blocs de synténie est très petite, contenant environ 1,3 gènes par bloc entre *B. mori* et les deux espèces de noctuelles et de 2,0 gènes par bloc entre *S. frugiperda* et *H. armigera*. Cela correspond à environ deux cassures chromosomiques par Mb ADN par MYA. Il s'agit d'un taux d'évolution beaucoup plus élevé que chez les drosophiles.

2- La nature et la fréquence des éléments répétés au sein de ces régions révèlent une abondance de LINEs et de TIRs plutôt que des LTRs comme chez la drosophile. Nous avons observé une répartition inégale dans certaines régions touchées par la rupture de synténie.

3- Nous avons cherché des protéines centromériques afin de révéler les caractéristiques du kinétochore holocentrique. Nous avons caractérisé chez *S. frugiperda* un homologue de la protéine centromérique humaine B, encore non décrite chez les invertébrés. Nous présentons des preuves (entre autres la comparaison synténique de sa localisation dans les 3 espèces) que ce gène pourrait avoir évolué par la domestication d'une transposase. L'activité de liaison de la protéine à l'ADN *in vitro*, sa localisation nucléaire, sa capacité à se lier à une séquence de rétrotransposon *in vivo* plaident en faveur d'une homologie fonctionnelle des protéines de la famille CENP-B.

4- L'immunoprécipitation de la chromatine a été réalisée contre des marqueurs d'hétérochromatine et des régions candidates ont été identifiées dans la séquence de BACs de *S. frugiperda* par qPCR sur l'ADN génomique précipité. A partir de ces données, et de l'analyse des séquences des petits ARNs, des arguments seront présentés qui étayent les hypothèses sur la structure dispersée des régions d'hétérochromatine dans ces génomes.

Ces données de génomique sont rassemblés dans le site PestLepido-DB (<http://www.inra.fr/lepidodb>), une ressource publique bioinformatique construite en utilisant les logiciels libres à partir de la base de données GMOD, comprenant une base de données Chado, l'interface Gbrowse, l'outil graphique CMAP, et un outil de visualisation de curation Apollo.

O.27 Résistance à l'insecticide bactérien *Bacillus thuringiensis* var. *israelensis* : criblage génomique et identification d'un gène candidat chez le moustique *Aedes aegypti*

A. Bonin, M. Paris, G. Tetreau, J-P. David, L. Després

aurelie.bonin@ujf-grenoble.fr

Laboratoire d'Écologie Alpine, CNRS-UMR 5553, Université Joseph Fourier, BP 53, F-38041 GRENOBLE cedex 09

Bacillus thuringiensis var. *israelensis* (*Bti*) est un insecticide bactérien largement employé en France et dans le monde pour lutter contre la prolifération des moustiques. Le *Bti* contient 6 toxines actives différentes, ce qui est un frein efficace à l'apparition de résistance dans les populations naturelles de moustique. Pourtant, le *Bti* peut persister dans les sites traités plusieurs mois après épandage des spores, voire même proliférer. Ceci pose évidemment la question de l'évolution de la résistance au *Bti* en milieu naturel.

Dans le but d'étudier cette résistance, nous avons utilisé une litière de feuilles toxiques riche en spores de *Bti* pour sélectionner une souche du moustique *Aedes aegypti* pendant 18 générations. Si cette souche présente une résistance modérée au *Bti*, les niveaux de résistance aux toxines individuelles sont nettement plus élevés (jusqu'à 50 fois). Il semble donc que plusieurs mécanismes de résistance (et donc plusieurs gènes) soient en jeu. Afin d'identifier les bases génétiques sous-jacentes, nous avons procédé à un criblage génomique sur la souche sélectionnée et une souche témoin sensible. Pour ce faire, nous avons développé environ 500 marqueurs génétiques associés à des éléments transposables de type MITE (Miniature Inverted-repeat Transposable Element). Nous avons ensuite positionné sur le génome d' *Ae. aegypti* les marqueurs présentant une différenciation génétique inter-souche particulièrement élevée. Plusieurs gènes candidats ont été identifiés à proximité de ces marqueurs très différenciés. Deux d'entre eux ont été examinés plus en détail par séquençage et analyse d'expression : le gène d'une cadhérine et celui d'une aminopeptidase, qui peuvent agir soit au niveau de la fixation (cadhérine et aminopeptidase) ou de l'activation (aminopeptidase) des toxines. Chez la souche résistante, le gène de la cadhérine est significativement sous-exprimé par rapport à la souche sensible. Il présente également un polymorphisme nucléotidique compatible avec l'action d'une sélection directionnelle, avec par exemple un excès de mutations rares en comparaison avec les mutations de fréquence intermédiaire. Globalement, ces résultats confortent le rôle du gène de cette cadhérine dans la résistance au *Bti*, même s'il est probable que d'autres gènes sont également impliqués. Des analyses complémentaires seront donc nécessaires pour élucider complètement les bases génétiques dans ce cas de résistance multigénique.

O.28 Origine des Ichnovirus : analyse du génome viral maintenu dans le génome du parasitoïde *Hyposoter didymator*

V. Jouan¹, S. Urbach², M. Ravallec¹, G. Gyapay³, J-M. Drezen⁴, A-N. Volkoff¹

volkoff@supagro.inra.fr

¹UMR 1231 INRA - Université Montpellier 2, Biologie Intégrative et Virologie des Insectes, Place Eugène Bataillon, cc101, F-34095 MONTPELLIER Cedex 5 – ²Institut de Génomique Fonctionnelle, Plate-forme Protéomique, CNRS UMR 5203, INSERM U661, Université Montpellier 1, Université Montpellier 2, 141 rue de la Cardonille, F-34094 MONTPELLIER Cedex 05 – ³CEA-GENOSCOPE-Centre National de Séquençage, 2 rue Gaston Crémieux, CP5706, F-91057 EVRY Cedex – ⁴CNRS UMR 6035, Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, UFR des Sciences et Techniques, Université François Rabelais, Parc Grandmont, F-37200 TOURS

Des milliers d'espèces de parasitoïdes manipulent la physiologie de leur hôte au bénéfice de leur progéniture en injectant des polydnavirus (PDV) lors de l'oviposition. Les génomes des PDVs sont constitués de dizaines de molécules d'ADN circulaire contenant des gènes de virulence responsables des dysfonctionnements de la réponse immunitaire et du développement de l'hôte lépidoptère. La production des particules est restreinte aux ovaires et le génome viral encapsidé est généré à partir de séquences intégrées au génome de l'hyménoptère. Les PDVs sont associés à des ichneumonides et des braconides, définissant ainsi 2 genres distincts, les ichnovirus (IVs) et les bracovirus (BVs). Les récentes études montrent que les bracovirus dérivent de l'intégration d'un nudivirus ancestral ^[1] et sont organisés dans le génome de la guêpe sous forme de clusters de séquences virales ^[2]. Dans le but de déterminer l'origine évolutive des ichnovirus, nous avons récemment analysé d'une part les particules virales - afin d'identifier des gènes de structure - et d'autre part la forme intégrée de l'IV associé à *Hyposoter didymator*. Nos résultats montrent clairement une différence entre IVs et BVs en ce qui concerne l'origine ^[3] et l'organisation du génome viral maintenu dans le parasitoïde. IVs et BVs constituent ainsi un exemple d'évolution convergente où deux groupes de guêpes ont domestiqué de façon indépendante des virus pour transmettre des gènes dans leurs hôtes. Nos travaux apportent un élément de réponse à l'une des questions majeures de ces dernières années concernant ces virus atypiques associés à des milliers d'espèces d'endoparasitoïdes.

- ^[1] Bézier et al. (2009) *Science* 323: 926-930
- ^[2] Desjardins et al. (2008) *Genome Biology* 9:R183
- ^[3] Volkoff et al. (2010) *PLoS Pathogens* 6(5): e1000923

O.29 Role of phloem proteins in polerovirus transmission by aphids

S. Boissinot¹, B. Bencharki¹, S. Revollon¹, V. Ziegler-Graff², M. Erdinger¹, L. Wiss¹, S. Dinant³, V. Brault¹

veronique.brault@colmar.inra.fr

¹ INRA Université de Strasbourg, UMR SVQV, 28 rue de Herrlisheim BP 20507, F-68021 COLMAR – ² CNRS-IBMP Département de Virologie, 12 rue du Général Zimmer, F-67084 STRASBOURG – ³ INRA UR501 Laboratoire de Biologie Cellulaire, Institut Jean Pierre Bourgin, route de Saint-Cyr, F-78026 VERSAILLES

Poleroviruses are phytoviruses strictly transmitted by phloem-feeding aphids in a circulative and non-propagative mode. Virions, acquired by aphids when ingesting sap from infected plants, successively cross the gut epithelium to be transported into the hemolymph and then the accessory salivary glands cells, to be released, together with saliva, into the plant during a subsequent feed. As aphids sample virions in sieve tubes along with sap, any sap protein bound to virions will be acquired by the insects and could potentially be involved in the transmission process. By developing *in vitro* virus-overlay assays on sap proteins collected from cucumber, we observed that about twenty proteins were able to bind to purified particles of *Cucurbit aphid borne yellows virus* (CABYV). Among them, eight proteins were identified by mass spectrometry. The role of two candidates belonging to the PP2-like family (predominant lectins found in cucurbit sap) in aphid transmission was further pursued by using purified orthologous PP2 proteins from Arabidopsis. Addition of these proteins to the virus suspension in the aphid artificial diet greatly increased virus transmission rate. This shift was correlated with an increase in the number of viral genomes in insect cells and with an increase of virion stability *in vitro*. Surprisingly, increase of the virus transmission rate was also monitored after addition of unrelated proteins in the aphid diet, suggesting that any soluble protein, at sufficient high concentration in the diet and acquired together with virions could, stimulate virus transmission. Based on these results, a model of the involvement of plant proteins in polerovirus acquisition by aphids will be presented.

- Bencharki et al., (2010) *Mol Plant Microbe Interact.* 23, 799-810

O.30 Deregulation of the innate immune response of *Drosophila melanogaster* by the dengue virus NS3 protein

M. Querenet¹, M-O. Fauvarque², M. Sémon³, M-L. Danjoy¹, D. Thevenon², B. Mollereau¹, **N. Davoust^{1,4}**

Nathalie.davoust-nataf@inserm.fr

¹Laboratory of Molecular Biology of the Cell. UMR5239 - CNRS - Ecole Normale Supérieure de Lyon, IFR128 Biosciences Lyon Gerland, Université de Lyon, LYON – ²Laboratoire Transduction du Signal INSERM U873. CEA - UJF - Equipe 3. Institut de Recherches en Technologie et Science pour le Vivant, CEA-Grenoble, GRENOBLE –

³Institut de Génomique Fonctionnelle. UMR 5242 CNRS - Ecole Normale Supérieure de Lyon - INRA 1288 - IFR128 Biosciences Lyon Gerland - Université de Lyon, LYON – ⁴INSERM U851, "Immunity, Infection and vaccination". IFR128 Biosciences Lyon Gerland, Université de Lyon, LYON

The *Flavivirus* genus forms a heterogeneous group of more than 50 distinct species of viruses, some of which are major human pathogens. Most of the flavivirus, including dengue and West Nile viruses are arbovirus and are transmitted to human by mosquito's bites. Due to the rapid expansion of arthropod vectors and the limited number of existing vaccines, the understanding of flavivirus pathogenesis represents a major challenge in public health research. In particular, deciphering the interactions between flavivirus proteins and human host or arthropod vector proteins may prove to be of great value for designing new drugs targeting human or arthropods cellular factors rather or in complement to viral targets. Our previous results indicated that in human cells, NS3 flavivirus protein interacts with several proteins of the TLR pathway. As molecules of the TLR pathway are highly conserved among species, it is likely that in mosquito *Aedes aegypti*, the NS3 flavivirus protein interacts also with molecules of this pathway. In the present work, we sought to evaluate *in vivo* the functional consequences of such interactions and in particular, whether or not TLR dependant innate immune responses are altered by NS3 protein. To achieve this goal, we chose to develop an original *Drosophila* model in which the dengue virus NS3 protein was expressed in a tissue specific and inducible manner. Using this model, we demonstrated that the dengue NS3 protein induced a deregulation of the Toll pathway and a higher susceptibility to bacterial infections in *Drosophila*. We also initiated a phylogenetic analysis in order to identify the *Drosophila* homologous proteins of the mammalian targets that we previously identified in our yeast two-hybrid screen. Two of them (NFKBIA and TRAF4) presented clear homologous sequences in *Aedes aegypti*, *Drosophila melanogaster*. We provide here an elegant *in vivo* model that may allow us to further elucidate dengue-host interactions in an evolutionary prospect.

O.31 Virus manipulateur du comportement d'un insecte parasitoïde : épidémiologie et effet du génotype de l'insecte sur le phénotype étendu

J. Martinez, S. Patot, F. Fleury, J. Varaldi

julien.martinez@univ-lyon1.fr

Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive, UMR CNRS 5558, Université Claude Bernard Lyon1, 43 bd du 11 novembre 1918, F-69622 VILLEURBANNE

De nombreux endosymbiotes transmis verticalement sont capables de modifier certains traits phénotypiques des insectes. Un double déterminisme impliquant les gènes de l'insecte et du symbiote est alors en jeu. Les conséquences évolutives de ce type de déterminisme complexe sont à l'heure actuelle mal connus. L'Hyménoptère parasitoïde *Leptopilina boulardi* héberge par exemple un virus héritable, appelé LbFV, induisant une modification profonde de la stratégie de ponte des femelles infectées. Les femelles adultes parasitent les larves de drosophiles en déposant normalement un œuf unique dans chaque larve rencontrée tout en rejetant celles parasitées par d'autres femelles. Elles limitent ainsi la compétition pour leur descendance puisqu'un seul parasitoïde ne peut émerger d'une larve hôte, quel que soit le nombre d'œufs déposés. A l'inverse, lorsqu'elles sont infectées par LbFV, les femelles acceptent de pondre dans des larves déjà parasitées. Cette modification dans la prise de décision conduit à une situation de conflit d'intérêt entre le parasitoïde et le virus puisque le « superparasitisme » permet au virus d'infecter de nouvelles lignées de parasitoïdes alors qu'il est en général coûteux pour la femelle. Cette transmission horizontale est nécessaire au maintien du virus dans les populations car elle compense les pertes d'infection dues à une transmission verticale imparfaite.

Nous avons cherché à identifier les causes de variations phénotypiques du superparasitisme dans ce système complexe. La première cause de variations est liée à la prévalence du virus dans les populations. Ensuite, les variations génétiques du parasitoïde ou d'origine virale peuvent expliquer une partie des variations phénotypiques. Les résultats montrent que le virus est très répandu à l'échelle du sud-est de la France. La densité relative en nombre de parasitoïdes par rapport au nombre d'hôtes drosophiles est un paramètre crucial déterminant la prévalence du virus au sein des populations. De plus, parmi les lignées naturellement infectées, une forte variation phénotypique a été observée. En contrôlant la diversité génétique côté virus, il a été établi qu'une part de cette variation résultait d'une diversité génétique chez le parasitoïde à l'échelle intra-populationnelle. Néanmoins, aucune lignée ne présente de résistance ou de tolérance à l'infection. Le maintien d'un tel polymorphisme sera discuté. Par ailleurs, les résultats en cours d'acquisition concernant la recherche de variabilité du côté du virus seront présentés.

O.32 Analyse transcriptionnelle des gènes de la famille des vankyrines de l'ichnovirus HdIV, symbionte de l'hyménoptère parasitoïde *Hyposoter didymator* chez différents hôtes

G. Clavijo, T. Dorémus, M. Ravallec, M-A. Mannucci, V. Jouan, A-N. Volkoff, I. Darboux

darboux@supagro.inra.fr

UMR 1231 INRA - Université Montpellier II, Biologie Intégrative et Virologie des Insectes, F-34095 MONTPELLIER Cedex 5

Hyposoter didymator [Hyménoptère : Ichneumonidae] est un endoparasitoïde larvaire des Noctuelles, notamment du genre *Spodoptera*, lépidoptères ravageurs polyphages d'importance agronomique. Le succès parasitaire repose sur le virus HdIV (*H. didymator* Ichnovirus) de la famille des Polydnviridae. Les polydnvirus sont des particules endogènes qui vivent en association obligatoire et symbiotique avec certaines espèces d'hyménoptères. Les particules virales, produites exclusivement dans les ovaires des femelles, sont co-injectées avec l'œuf dans la chenille du lépidoptère. L'expression des gènes viraux dans les tissus infectés induit la suppression ou l'atténuation de la réponse immunitaire et des altérations du développement de l'insecte hôte, favorables au développement du parasitoïde.

Une approche transcriptomique a permis de montrer que l'injection de HdIV dans les chenilles de *S. frugiperda* agit spécifiquement sur les niveaux d'expression de plusieurs dizaines de gènes dans les hémocytes et les cellules du corps gras, qui sont impliqués dans les fonctions immunitaires de l'insecte (Barat-Houari et al., 2006). Cependant les mécanismes moléculaires responsables de la modulation de l'expression des gènes de l'hôte ne sont pas connus. Les gènes *vankyrines* (*vank*) de HdIV pourraient être impliqués dans ces modifications du transcriptome de l'hôte lépidoptère. Ils codent pour des protéines homologues aux facteurs IkappaBs, inhibiteurs des facteurs de transcription Rel/NF-kB, dont le représentant le plus étudié chez *Drosophila melanogaster* est la protéine Cactus. Les gènes *vank* de HdIV forment une famille multigénique comprenant 9 membres. Notre objectif est de mieux comprendre leur rôle dans le succès parasitaire de *H. didymator*. Dans un premier temps, nous nous sommes intéressés à l'expression spatio-temporelle de ces différents gènes chez différentes espèces de lépidoptères *in vitro* et *in vivo*.

- Barat-Houari et al., (2006) *BMC Genomics*. Jun 21;7:160

O.33 Analyse de la flore bactérienne intestinale de populations naturelles d'*Anopheles gambiae*

A. Boissière, L. Abate, M. Tchioffo, A. Marie, P. Awono-Ambene, I. Morlais

anne.boissiere@ird.fr

IRD-UR016, 911 avenue Agropolis, BP64501, F-34394 MONTPELLIER et LRP-OCEAC, BP288, YAOUNDÉ, CAMEROUN

Le paludisme à *Plasmodium falciparum* est une infection parasitaire tropicale qui sévit essentiellement en Afrique sub-saharienne. *P. falciparum* est transmis à l'homme par la piqûre d'une anophèle femelle, *Anopheles gambiae* étant le vecteur majeur en Afrique. Chez le moustique vecteur, le parasite subit de nombreuses pertes au cours de son développement et l'étape la plus cruciale pour la survie des parasites se déroule au niveau de l'intestin lors de la migration des ookinètes à travers la barrière intestinale. Plusieurs facteurs pourraient expliquer ces pertes tels que les enzymes digestives, des facteurs de l'immunité ou encore la flore bactérienne. En effet, on sait que la présence des bactéries intestinales limite l'infection du moustique par *P. falciparum* (Dong et al. 2009, Pumpuni et al. 1998). Toutefois, la diversité bactérienne n'a jamais été explorée chez les populations naturelles de vecteurs. Les nouvelles approches de séquençage (NGS, Next Generation Sequencing) offrent maintenant la possibilité d'aborder ces aspects négligés et de mieux comprendre les interactions génome*génome pour la transmission.

L'objectif du travail présenté ici est de caractériser la flore bactérienne dans les intestins d'*Anopheles gambiae* issus de gîtes naturels afin de déterminer le rôle des endobactéries sur la compétence vectorielle des femelles adultes. Des collectes de moustiques ont été réalisées au Cameroun dans des gîtes larvaires de cinq localités différentes. Des pools de 30 intestins de larves L4 et de nymphes d'*A. gambiae* ont été constitués, l'ADN extrait, amplifié à l'aide d'amorces ciblant l'ADN 16S bactérien puis les produits de PCR ont été séparés sur gel de DGGE (Denaturing Gel Gradient Electrophoresis). L'analyse des gels et le séquençage des bandes après migration révèlent une flore distincte entre les stades larves et nymphes ; *Thorsellia anophelis* apparaît spécifique des intestins des stades larvaires alors que les intestins de pupes sont colonisés par des bactéries du genre *Pseudomonas*, *Aeromonas*, *Actinobacterium*. Une approche génomique par pyroséquençage sur 454 GS FLEX Titanium a été développée pour l'analyse de la diversité bactérienne dans les intestins des femelles adultes infectées par *P. falciparum*. Trente intestins de moustiques sauvages et 2 de moustiques d'élevage ont été sélectionnés pour le pyroséquençage, et trois régions variables du 16S ont été analysées. Les données 454 ont généré en moyenne 7700 reads par échantillon et par région amplifiée, avec une longueur des séquences comprise entre 300 et 350 pb. L'analyse métagénomique révèle que la flore intestinale des moustiques d'élevage est dominée (à 95%) par *Elizabethkingia meningoseptica*. Les moustiques provenant d'habitats naturels présentent une diversité plus importante. La communauté bactérienne au sein de l'intestin du moustique est représentée par environ 6 différents phylum dont le majoritaire est celui des *Proteobacteria*. L'abondance relative des espèces diffère d'un gîte à l'autre. L'impact potentiel de la flore bactérienne sur l'infection par *P. falciparum* sera discuté.

O.34 Interactions immunitaires puceron-parasitoïde dans le modèle *Acyrtosiphon pisum* / *Aphidius ervi*

A. Schmitz, C. Anselme, C. Rebuf, M. Poirié

antonin.schmitz@sophia.inra.fr

UMR INRA-CNRS-Université Nice Sophia Antipolis "Interactions Biotiques et Santé Végétale", Agrobiotech, 400 Route des Chappes, F-06903 SOPHIA-ANTIPOLIS

Les parasitoïdes sont les principaux auxiliaires de lutte biologique. Cependant peu de données existent sur les mécanismes et la spécificité des interactions entre les parasitoïdes et leurs ravageurs ce qui constitue une limite à la compréhension des échecs et réussites sur le terrain. Dans le modèle puceron hôte / parasitoïde *Acyrtosiphon pisum* / *Aphidius ervi*, des études ont été menées concernant certaines modifications physiologiques induites par le parasitoïde chez l'hôte (castration, détournement du métabolisme ...) via des protéines du venin ou les tératocytes, ainsi que sur la résistance de l'hôte au parasitoïde associée à la bactérie symbiotique *Hamiltonella defensa* et à son bactériophage. Mais il n'existe quasiment aucune donnée sur les interactions immunitaires entre espèces de pucerons et parasitoïdes associés et l'immunité antimicrobienne (de type peptides antimicrobiens connus) a été décrite comme peu présente ou absente chez *A. pisum*.

Les résultats présentés concernent :

- (i) La caractérisation des composants cellulaires de la défense immunitaire de *A. pisum* en terme de catégories hématocytaires et de fonction de ces hématocytes : adhésion, phagocytose, coagulation, capacité de reconnaissance d'un corps étranger, etc ...
- (ii) L'effet des composants cellulaires de l'immunité de *A. pisum* sur les symbiotes secondaires de ce puceron.
- (iii) Une première étude de l'effet des symbiotes secondaires de *A. pisum* sur l'immunité cellulaire.

O.35 Detection and destruction of non-self by Insects: what remains to be determined ?

A. Nappi¹, Y. Carton²

anappi@luc.edu

¹ Department of Biology, Loyola University Chicago, CHICAGO, IL 60626 USA – ² Equipe IRD-CNRS-INRA-Université Paris XI (DEET – Diversité, Ecologie et Evolution des Insectes Tropicaux), Laboratoire Evolution, Génomes et Spéciation, CNRS, F-91198 GIF-SUR-YVETTE et Université Paris-Sud 11, F-91405 ORSAY

Insects typically respond to infection by metazoan parasites by forming hemocyte-mediated melanotic capsules around the foreign organisms. How the latter are perceived as foreign, and how they succumb to their host's response, are topics of considerable interest, but about which much remains to be understood. There is virtually no direct evidence unequivocally linking any of the molecules generated during infection with toxicity. The appearance of melanin at the site of capsule formation has been assumed to be the source of toxic molecules (e.g., quinones, semiquinones, quinone methides), but reports of parasite destruction in the absence of melanin, as well as those of parasite survival despite extensive pigment formation, fail to support the proposed cytotoxic role of the pigment in insect cell-mediated immunity. The presentation addresses some of the issues that remain to be investigated.

O.36 Deciphering the role of the *Spiroplasma citri* phosphoglycerate kinase in the spiroplasma internalization into its insect vector' cells

F. Labroussaa, M-P. Dubrana, N. Arricau-Bouvery, C. Saillard

flabrous@bordeaux.inra.fr

INRA - Université de Bordeaux 2, UMR 1090, F-33883 VILLENAVE D'ORNON

Transmission of the phytopathogenic mollicute, *Spiroplasma citri* by its insect vector *Circulifer haematoceps* mainly depends of its ability to pass through gut cells, to multiply in various tissues and to traverse the salivary gland cells. The passage of these different barriers suggests protein interactions between spiroplasmas and host insect that regulate the transmission. It is exclusively from the salivary glands that spiroplasmas are inoculated into the phloem tissue during insect feeding, thus initiating a new infection. Confocal analysis performed on salivary glands of infected *C. haematoceps* revealed that spiroplasmas were located along the actin microfilaments of the cells. This was also observed with the *C. haematoceps* cultured cell line (Ciha-1) experimentally infected by *Spiroplasma citri*. An *in vitro* protein-overlay assay identified five significant bindings between *S. citri* proteins and insect host proteins from salivary glands. One insect protein involved in one binding was identified by LC-MS/MS as actin. An *S. citri* actin-binding protein of 44 kDa was isolated by affinity chromatography and identified by LC-MS/MS as phosphoglycerate kinase (PGK). To investigate the role of PGK-actin interaction, we performed competitive binding and internalization assays on Ciha-1 cells in which His₆-tagged PGK from *S. citri* or purified PGK from *Saccharomyces cerevisiae* was added prior to the addition of *S. citri* inoculum. Exogenous PGK, regardless of origin, has no effect on spiroplasmal attachment to leafhopper cell surface but reduces *S. citri* internalization into Ciha-1 cells in a dose dependant manner. In an attempt to identify the regions of PGK that interact with actin, we generated a series of PGK truncations. Binding assays using them as probes on insect proteins blots revealed that the PGK actin binding region was located between residues Ile⁴⁹ and Leu¹⁰¹.

O.37 Analyse fonctionnelle des carboxypeptidases digestives d'*Anopheles gambiae*, impliquées dans le développement de *Plasmodium falciparum* responsable du paludisme

A. Fougère^{1,2}, C. Bourguin^{1,2}

fougere@pasteur.fr

¹ Institut Pasteur, Génétique et Génomique des Insectes Vecteurs, 28 rue du Dr Roux, F-75224 PARIS Cedex 15 –

² CNRS URA 3012, Hôtes, Vecteurs et Agents Infectieux : Biologie et Dynamique, 28 rue du Dr Roux, F-75224 PARIS Cedex 15

Malgré de nombreux efforts, le paludisme causé par le parasite *Plasmodium* et transmis par les moustiques du genre anophèle reste l'une des maladies les plus meurtrières du globe, faisant plus d'un million de morts chaque année. C'est lors du passage dans le tube digestif (TD) du moustique que la quantité de parasites est la plus réduite parmi tous les stades de son développement.

Au cours de cette phase, des gènes du moustique exprimés au niveau du TD, et primordiaux pour la réalisation du cycle biologique du parasite, ont été identifiés grâce à un crible transcriptomique comparant des moustiques sains à des moustiques infectés. Deux d'entre eux, *cpbAg1* et *cpbAg2*, codent des carboxypeptidases de la famille B (CPB) qui clivent les résidus basiques (arginine et/ou lysine) en position C-terminale des protéines et peptides issus de la digestion du repas sanguin du moustique. Au même titre que de nombreuses enzymes digestives, CPB_{Ag1} et CPB_{Ag2} sont produites sous forme de zymogène nécessitant un clivage de leur propeptide respectif pour les rendre actives biochimiquement. L'activation de CPB_{Ag1} est exclusivement due à l'hydrolyse de son propeptide par la trypsine alors qu'*a contrario*, CPB_{Ag2} est sensible aussi bien à la trypsine qu'à la chymotrypsine et l'hydrolyse de son propeptide a lieu de façon séquentielle.

Nous avons mis en évidence que des anticorps dirigés contre CPB_{Ag1} bloquent le développement de *Plasmodium falciparum* (*Pf*) chez *Anopheles gambiae* (*Ag*)¹. Néanmoins, comme les anticorps reconnaissent aussi CPB_{Ag2}, le rôle respectif de chaque CPB dans ce phénotype est indiscernable.

Pour connaître la contribution respective de chaque CPB dans l'activité carboxypeptidase globale *in vivo*, et pour discriminer les rôles respectifs de chacune des CPB dans le cycle biologique du développement de *Pf* chez le moustique, deux approches sont en cours au laboratoire :

1 : L'inactivation génique par ARN interférence ciblant les gènes de chaque CPB.

2 : L'ajout d'anticorps spécifiques de chacune des CPB à un repas de sang parasité ingéré par les moustiques.

Le développement parasitaire sera analysé dans ces deux contextes. Pour affiner ces résultats, la production d'anticorps monoclonaux et d'inhibiteurs spécifiques est envisagée afin de caractériser les épitopes respectifs de chaque CPB ciblés par les anticorps bloquant la transmission parasitaire.

L'ensemble de ces données contribueront à l'identification de mécanismes nécessaires au développement parasitaire afin d'utiliser les CPB comme cible d'une nouvelle stratégie limitant la transmission du paludisme : un vaccin « altruiste » multivalent.

O.39 Impact d'une infestation foliaire sur les interactions hôte-parasitoïde en compartiment souterrain

S.P. Pierre¹, N.M. van Dam², J. Jansen³, A. Ferry¹, R. Soler⁴, A.M. Cortesero¹, S. Dugravot¹

sebastien.dugravot@univ-rennes1.fr

¹UMR BiO3P-Université de Rennes 1 – ²Ecogenomics, Radboud University Nijmegen, (NETHERLANDS) –

³Institute for Life Sciences, University of Amsterdam (NETHERLANDS) – ⁴Laboratory of Entomology, Wageningen University (NETHERLANDS)

En réponse à l'attaque d'insectes phytophages, les plantes sont capables de mettre en place des systèmes de défenses indirectes via l'émission de composés volatils attractifs pour les ennemis naturels des phytophages. Ces mécanismes de défenses ont été très documentés ces vingt dernières années. Toutefois la plupart des études publiées ont été effectuées sur des modèles simplifiés (i.e, une plante, un phytophage et un ennemi naturel), bien loin des situations complexes rencontrées en milieu naturel où plusieurs espèces de phytophages peuvent exploiter simultanément une même plante hôte. Ainsi il est récemment apparu que les interactions multi-trophiques du milieu aérien pouvaient être fortement perturbées par la présence d'organismes inféodés au milieu souterrain. Les interactions réciproques n'ont cependant été que très peu étudiées à ce jour.

Nous avons ici analysé l'impact de la présence du phytophage folivore, *Pieris brassicae* sur le comportement de recherche de *Trybliographa rapae*, parasitoïde spécialiste du rhizophage *Delia radicum*. Nos expériences en olfactométrie montrent que le parasitoïde n'est pas attiré par les plantes attaquées simultanément par l'espèce hôte et l'espèce non hôte. Les expérimentations de plein champ ont par ailleurs révélé que les taux de parasitisme de *D. radicum* étaient considérablement réduits sur les plantes attaquées par les deux espèces de phytophage. Les analyses des spectres de composés volatils indiquent que la bi-infestation des plantes ne résulte pas en une simple addition des composés émis suite à une infestation racinaire et une infestation foliaire. Chaque type d'infestation (i.e, bi-, mono-racinaire ou mono-foliaire) induit en effet l'émission par la plante d'un mélange spécifique de composés volatils.

Cette étude souligne l'importance des composés volatils produits par la plante dans la structuration des communautés d'arthropodes. Elle justifie également le besoin d'appréhender les interactions plantes-insectes dans un contexte multi-trophique, sans négliger les interactions potentielles entre organismes inféodés aux compartiments souterrains et aériens des plantes.

O.40 Manipulations par un insecte mineur de la physiologie de sa plante hôte par l'intermédiaire d'un endosymbionte bactérien

D. Giron¹, J. Casas¹, M. Body¹, G. Glevarec², E. Huguet¹, W. Kaiser¹, A. Lanoue²

david.giron@univ-tours.fr

¹ Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, UMR CNRS 6035, UFR Sciences et Techniques, Université F. Rabelais, F-37200 TOURS – ² Laboratoire Biomolécules et Biotechnologies Végétales, EA2108, UFR Sciences et Techniques, Université F. Rabelais, F-37200 TOURS

Les organismes endophytes (c'est-à-dire vivant au sein des tissus végétaux), en raison de leur interaction étroite et prolongée avec la plante hôte, sont un modèle privilégié pour aborder les contextes écologique et évolutif liés à la phytophagie ainsi que des questions telles que la résistance de certaines plantes aux ravageurs ou les manipulations physiologiques induites au sein de la plante hôte. Une association étroite facilite en effet l'évolution de dialogues biochimiques et hormonaux entre les arthropodes et les plantes pouvant aboutir à des modifications profondes du patron d'expression génique ou à des changements d'activité hormonale au sein de la plante.

Dans ce contexte, les insectes galligènes se distinguent généralement des autres insectes endophytes par la manipulation active de leur plante hôte pouvant conduire à la création de tissus nutritionnels supplémentaires, à la stimulation de la synthèse de protéines et/ou de sucres *in situ*, ou à la modification des flux de nutriments au sein du végétal aboutissant ainsi à la translocation de nutriments vers le site d'alimentation de l'insecte

Néanmoins, d'autres insectes endophytes semblent également avoir la capacité de manipuler leur plante hôte comme cela est suggéré par la création d'îles vertes par certains insectes mineurs. Ces manipulations se manifestent alors par la persistance de la photosynthèse au niveau de la zone minée à l'automne alors que le reste de la feuille entre en sénescence et jaunit.

Nos travaux ont permis de mettre en évidence chez un lépidoptère mineur de feuilles de pommiers (*Phyllonorycter blancardella*) (i) une capacité de l'insecte à manipuler son environnement végétal afin d'optimiser les apports nutritifs et de limiter l'activation des défenses de la plante hôte, (ii) le rôle clé joué par les phytohormones de type cytokinines dans cette manipulation, et, pour la première fois, (iii) l'intervention privilégiée de bactéries endosymbiotiques de l'insecte (*Wolbachia*) dans la manipulation de la physiologie de la plante. L'étude du rôle clé joué par les endosymbiontes d'insectes dans ces manipulations devrait nous permettre de mettre en évidence un bénéfice en terme de 'fitness' pour l'insecte à être associé à *Wolbachia* et de démontrer, pour la première fois, un impact de cet endosymbionte bactérien sur la physiologie d'une plante.

O.41 Des passagers influents : nouveaux effets des symbiotes facultatifs du puceron du pois sur l'écologie et la reproduction de leur hôte

J.-C. Simon¹, T. Tsuchida², R. Koga², S. Boutin¹, Y. Outreman¹, T. Fukatsu²

jean-christophe.simon@rennes.inra.fr

¹INRA, UMR 1099 INRA-Agrocampus Ouest-Université de Rennes 1 "Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes" (BiO3P), Domaine de la Motte-au-Vicomte, F-35653 LE RHEU – ²Institute for Biological Resources and Functions, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST), TSUKUBA, JAPAN

Ces dernières années, l'influence des micro-organismes sur leurs hôtes a été très largement reconsidérée grâce à la possibilité d'explorer par des méthodes moléculaires la diversité des partenaires microbiens hébergés par les eucaryotes et d'analyser leurs effets par l'expérimentation ou l'étude de leurs génomes. Les insectes, et les pucerons en particulier, ont apporté une contribution importante à la connaissance des interactions hôte-micro-organisme tant pour l'étendue de leur diversité que pour la gamme d'effets des symbiotes sur leurs hôtes. A ce titre, le puceron du pois constitue un excellent système pour aborder ces questions. Il est l'hôte d'un symbiote obligatoire, la bactérie *Buchnera aphidicola*, hébergé par l'ensemble des espèces de pucerons, mais héberge également une variété de symbiotes facultatifs dont les rôles sur son écologie peuvent être spectaculaires (ex. protection parasitaire par la bactérie *Hamiltonella*) même si beaucoup d'entre eux sont méconnus.

Nous présentons ici deux nouveaux effets des symbiotes facultatifs du puceron du pois sur leur hôte. Les pucerons se reproduisent par parthénogenèse pendant la belle saison et par voie sexuée avant l'hiver. Des lignées de pucerons de même génotype mais comportant l'un ou l'autre des 5 symbiotes facultatifs fréquemment rencontrés dans les populations-hôtes (*Hamiltonella defensa*, *Regiella insecticola*, *Rickettsia* et *Serratia symbiotica*, *Spiroplasma*) ont été soumises à des conditions déclenchant la phase sexuée afin d'étudier l'effet individuel des types bactériens sur la production de formes sexuées. Quelque soit le génotype de l'hôte, nous avons montré que *Spiroplasma* induisait un phénotype male-killing en éliminant sélectivement les mâles dans la descendance des femelles. Nous avons également détecté un effet délétère de *Rickettsia* sur la production de mâles mais variant selon le génotype du puceron du pois.

Par ailleurs, un criblage de la composition symbiotique de populations européennes du puceron du pois nous a permis de découvrir une nouvelle bactérie infectant son hôte avec des prévalences proches de 8%. Ce symbiote s'apparente aux *Rickettsiella*, bactéries connues pour être pathogènes d'insectes. Des expériences d'infections artificielles dans différents fonds génétiques du puceron du pois ont révélé que *Rickettsiella* pouvait modifier la couleur de son hôte, certains génotypes initialement roses prenant la couleur verte après injection de cette bactérie.

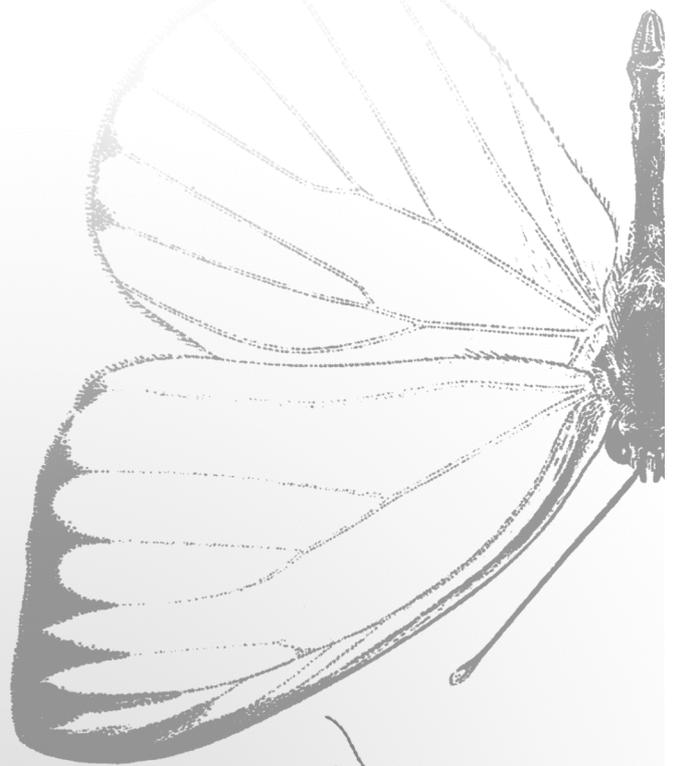
Ces deux nouveaux effets illustrent la forte influence des micro-organismes sur l'écologie et la reproduction de leurs hôtes et questionnent sur les coûts et bénéfices retirés par chacun des partenaires de ces interactions ainsi que sur la dynamique et l'évolution des communautés microbiennes associées aux insectes.

Notes

A series of horizontal dashed lines for taking notes.

Posters

(par ordre d'affichage)



Lyon 18-20 octobre 2010



Posters

Session "Physiologie et Développement"

- P.01- L. Duportets, F. Bozzolan, C. Gaertner, S. Vitecek, S. Anton, C. Gadenne, S. Debernard.** Possible role of ecdysteroids in the age-dependent behavioural response to sex pheromone in the male moth *Agrotis ipsilon* p 71
- P.02- C. Vinauger, C.R. Lazzari.** Modulation circadienne des capacités d'apprentissage chez un insecte vecteur de maladie, *Rhodnius prolixus* p 72
- P.03- C. Lahondère, C.R. Lazzari.** Thermorégulation et gestion du stress thermique lié à l'alimentation chez *Anopheles stephensi*, vecteur de paludisme p 73
- P.04- A. Coelho, S. Fraichard, P. Faure, J-M. Heydel.** Rôle des enzymes du métabolisme des xénobiotiques dans la perception de la caféine chez la drosophile p 74
- P.05- D. Destoumieux-Garzón, M. Brehelin, P. Bulet, P-A. Girard, E. d'Alençon, A-N. Volkoff, S. Baghdiguian, R. Zumbihl, J-M. Escoubas.** X-tox : Une famille atypique de protéines immunitaires spécifique des lépidoptères p 75
- P.06- M. van Munster, M. le Gleuher, Y. Pauchet, S. Augustin, C. Courtin, M. Amichot, R.H. ffrench-Constant, D. Pauron.** Characterisation of genes encoding aminopeptidase N as putative *Bt* receptors in the poplar leaf beetle p 76
- P.07- M.A. Riaz.** Induction of detoxification genes in mosquito larvae in response to xenobiotics and chemical insecticides and their role in insecticide tolerance p 77
- P.08- P. Sapountzis, G. Duport, K. Gaget, S. Balmand, S. Jaubert-Possamai, G. Febvay, H. Charles, Y. Rahbé, S. Colella, F. Calevro.** Réponse tissu-spécifique au traitement par RNAi chez le puceron du pois : une étude cinétique à l'échelle de l'individu .. p 78
- P.09- M-V. Trap-Gentil, F. Legeai, S. Stanojic, S. Jaubert, D. Tagu.** Caractérisation de la chromatine centromérique chez une espèce holocentrique : le puceron du pois (*Acyrtosiphon pisum*) p 79
- P.10- C. Bressac, C. Chevrier.** Le stock de spermatozoïdes au cœur de la reproduction : exemple chez les hyménoptères parasitoïdes p 80

Session "Bioingénierie de l'Insecte et Valorisation"

- P.11- C. Benvenuto, N. Ris, N. Sorbier, E. Colombel, S. Warot, X. Fauvergue, E. Tabone.** Amélioration génétique des auxiliaires de lutte biologique : Intérêt de l'hybridation intraspécifique chez *Trichogramma chilonis* p 81

Session "Écologie et Évolution"

- P.12- P. Salar, J-L. Danet, J-J. Pommier, X. Foissac.** Biologie de *Cixius wagneri*, le fulguromorphe vecteur de '*Candidatus Phlomobacter fragariae*' dans les fraiseraies et conséquence pour l'épidémiologie de la chlorose marginale du fraisier p 82
- P.13- N. Mondy, E. Cathalan, C. Hemmer, Y. Voituron.** Le coût de reconstruction du fourreau chez le trichoptère *Limnophilus rhombicus* : impacts chez la larve et l'adulte p 83
- P.14- V. Foray, E. Desouhant, P. Gibert.** Intégration de la fluctuation environnementale à l'étude des normes de réaction chez *Venturia canescens* : quelles sont les conséquences ? p 84
- P.15- R. Mohamad, J.P. Monge, M. Goubault.** Comment deux espèces parasitoïdes peuvent être sympatriques ? p 85
- P.16- F. Rebaudo, J-F. Silvain, O. Dangles.** Modélisation de la dynamique d'insectes dans des systèmes sociaux-écologiques complexes : le cas de ravageurs des cultures dans les Andes p 86
- P.17- F. Chardonnet, B. Chouquet, B. Le Rü, J-F. Silvain, L. Kaiser.** Automatisation de l'enregistrement de déplacements alimentaires chez une Sésamie p 87
- P.18- R. Barbosa, M. Brugger, L. Carlos Forti, J. Lopes, V. Fourcassié.** Étude longitudinale de l'activité de récolte et des réseaux de pistes d'approvisionnement chez l'espèce de fourmi champignoniste *Atta bisphaerica* Forel (Hymenoptera : Formicidae) p 88
- P.19- Auteur absent et non-inscrit - Poster non présenté** p 89

Session "Génomes, Phylogénie et Évolution"

- P.20- S. Pointeau, S. Bankhead-Dronnet, C. Martin, A. Sallé, F. Lieutier.** Approche de génétique des populations du puceron lanigère du peuplier *Phloeomyzus passerinii*, une espèce émergente en France p 90
- P.21- L. Pingault, M. Leconte, C. Romana, M. Harry.** Structure génétique des populations du complexe *Triatoma brasiliensis* du Nordeste brésilien (Piaui, Bahia) vectrices de la maladie de Chagas p 91
- P.22- N. Dsouli Aymes, F. Delsuc, J. Michaux, E. de Stordeur, G. Duvallet.** Contribution à la phylogénie du genre *Stomoxys* (Diptera, Muscidae) et à la phylogéographie de *Stomoxys calcitrans* (L. 1758) p 92
- P.23- E. Lerat, C. Biéumont, C. Vieira.** Comparative analysis of transposable elements in the *melanogaster* subgroup sequenced species p 93
- P.24- M. Fablet, E. Lerat, R. Rebollo, B. Horard, N. Burlet, S. Martinez, E. Brassat, E. Gilson, C. Vaury, C. Vieira.** L'environnement génomique influence la dynamique du rétrotransposon tirant chez *Drosophila simulans* p 94
- P.25- S. Stanojic, S. Gimenez, F. Cousserans, E. Permal, H. Quesneville, P. Fournier, E. d'Alençon.** La formation d'hétérochromatine est corrélée avec l'apparition de petits ARN non codants de type "rasiARNs" (repeats associated siRNA) au cours du développement du lépidoptère holocentrique *Spodoptera frugiperda* p 95
- P.26- N. Parisot, K. Gaget, S. Colella, A. Rabatel, F. Calevro, G. Duport, G. Febvay, T. Gabaldon, H. Charles, Y. Rahbé.** Analyse génomique de la fonction de transport dans le système symbiotique du puceron du pois *Acyrtosiphon pisum* p 96
- P.27- L. Dutartre, P. Audant-Lacour, F. Hilliou, R. Feyereisen.** Plant-insect co-evolution: adaptation of Lepidoptera to *Poaceae* p 97

Session "Biologie des Interactions"

- P.28- S. Guyot, L. Genty, S. Dupont, F. Dedeine.** Dynamique évolutive des communautés de flagellés chez les termites du genre *Reticulitermes* p 98
- P.29- D. Colinet, A. Dubuffet, D. Cazes, J-L. Gatti, M. Poirié.** Variabilité intraspécifique et interindividuelle de virulence d'un parasitoïde de drosophile, *Leptopilina boulardi* p 99
- P.30- D. Costechareyre, S. Balmand, B. Dridi, Y. Rahbé, G. Condemine.** Virulence de la bactérie phytopathogène *Dickeya dadantii* contre le puceron du pois *Acyrtosiphon pisum* : analyse de l'expression des toxines insecticides Cyt et suivi histologique de l'infection bactérienne p 100
- P.31- C. Multeau, P. Fournier, M. Ogliastro.** Potentiel d'utilisation des Densovirinae en lutte biologique p 101
- P.32- A. Vignerot, D. Charif, A. Vallier, C. Vincent-Monégat, A. Heddi.** Le bactériome larvaire de *Sitophilus* : une réponse immunitaire taillée pour le symbiote p 102
- P.33- S. Duret, B. Batailler, L. Béven, J. Renaudin, N. Arricau-Bouvery.** Efficient internalization of *Spiroplasma citri* into the Ciha-1 leafhopper cells requires both spiralin and plasmid-encoded determinants p 103
- P.34- C. Reinbold, S. Tanguy, D. Tagu, V. Brault.** Transcriptomic analysis of intestinal genes following acquisition of pea enation mosaic virus by the pea aphid *Acyrtosiphon pisum* p 104
- P.35- S. Doucouré, F. Mouchet, S. Cornelié, F. Favier, F. Gasque, J-S. DeHecq, Y. Roca, A. Walter, J-P. Herve, D. Mise, F. Remoue.** Specific immuno-epidemiological biomarkers of exposure to *Ae. albopictus* and *Ae. aegypti* bites p 105
- P.36- S. Boquel, P. Giordanengo, A. Ameline.** Le comportement des pucerons : un marqueur de l'évaluation du risque épidémiologique d'un phytovirus ? p 106
- P.37- D. Schmidt-Buesser, P. Couzi, B. Lherminier, A. Donini, M. Renou, D. Rochat.** Interactions phéromone – odeur végétale et locomotion chez le charançon rouge du palmier : quelle synergie ? p 107
- P.38- J. Saguez, C. Vincent, C. Olivier, P. Giordanengo.** Comment les cicadelles du genre *Erythroneura* s'alimentent-elles ? p 108
- P.39- D. Fouquet, N. Hurard, A-M. Costa Leonardo, C. Jost.** Caractérisation de l'activité de construction du termite *Procornitermes araujo* p 109

P.01 Possible role of ecdysteroids in the age-dependent behavioural response to sex pheromone in the male moth *Agrotis ipsilon*

L. Duportets¹, F. Bozzolan¹, C. Gaertner², S. Vitecek², S. Anton², C. Gadenne², S. Debernard¹

line.duportets@snv.jussieu.fr

UMR 1272, UPMC-INRA, Physiologie de l'Insecte : Signalisation et Communication – ¹ Université Paris VI, Bât A, 7 quai Saint Bernard, F-75005 PARIS – ² INRA, Route de Saint-Cyr, F-78000 VERSAILLES

Olfaction, the sense of smell, is considered as critical for many animals, by guiding the performance of vital behaviours such as recognition of the mating partner or predator, identification of food sources, a habitat or oviposition site. The sensitivity to odorants is not only dependent on its chemical nature but is also influenced by environmental (e.g., photoperiod or temperature) and physiological factors (e.g., age or mating status). Therefore, this sensory system is constantly subjected to adjustments and identifying the factors as well as the mechanisms involved in this plasticity is of a great interest in neurobiology.

In vertebrates, steroids are known to regulate the sexual and social interactions by interfering on the processing of olfactory information and therefore are considered as key factors of plasticity. In insects, especially moths, although different types of olfactory plasticity have been identified, very little is known about the possible involvement of steroids in the modulation of male sexual behaviour. In the noctuid moth, *Agrotis ipsilon*, newly emerged males are sexually immature and do not respond behaviourally to the female-emitted sex pheromone. Three to five days after emergence, males become sexually mature and are highly attracted to sex pheromone. This age-based behavioural plasticity is correlated to an increase in the sensitivity of neurons within the primary olfactory centre, the antennal lobe (AL).

The aim of our work was to elucidate the possible role of ecdysteroids in the plasticity of the olfactory system focusing on the expression of *A. ipsilon* sexual behaviour as a function of age. Using a 5'/3' RACE/PCR strategy, we cloned a full cDNA encoding a protein that presents biochemical features essential to Ecdysone Receptor (AipsEcR) function. RT-PCR and real time qPCR experiments revealed that AipsEcR is expressed in various tissues including the brain and more specifically the ALs, where its expression level increases with age. This age-based plasticity of AipsEcR expression is concomitant with that observed in the sex pheromone responses. Wind tunnel experiments showed that the injection of 20- hydroxyecdysone (20E) increased the behavioural response to sex pheromone in immature males, whereas the administration of an EcR antagonist, curcubitacin, decreased the pheromone responses in mature males. Taken together, these results suggest that AipsEcR might be involved in the central processing of the pheromone signal during sexual maturation in *A. ipsilon*.

P.02 Modulation circadienne des capacités d'apprentissage chez un insecte vecteur de maladie, *Rhodnius prolixus*

C. Vinauger, C.R. Lazzari

clement.vinauger@etu.univ-tours.fr

Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, UMR CNRS 6035, Université F. Rabelais, F-37000 TOURS

Il est largement admis que les capacités cognitives des insectes vecteurs de maladies pourraient avoir d'importantes conséquences sur la transmission des parasites. Cependant, en dépit de l'effort de recherche investi dans l'étude des capacités d'apprentissage et de mémoire chez les insectes hématophages, jusqu'à présent, peu de résultats concluants ont pu être obtenus. Qui plus est, à notre connaissance, aucune étude, chez un insecte hématophages, ne s'est encore focalisée sur la modulation des capacités d'apprentissage par des facteurs motivationnels endogènes, tels que l'état physiologique et les horloges circadiennes.

Nous avons adapté à notre modèle d'étude hématophage, la punaise *Rhodnius prolixus*, une procédure de conditionnement aversif de la *réponse d'extension du proboscis* (PER chez d'autres insectes) face à des stimuli thermiques : nous avons entraîné des individus à cesser de répondre à un stimulus thermique plus rapidement que par simple habituation. Cette procédure de conditionnement opérant nous a permis de déterminer la durée de persistance de la trace mnésique chez ces insectes, qui dépasse les 72 heures. Par ailleurs, en élevant des individus sous un cycle 12/12 L/D et en réalisant les sessions d'entraînement et de test à différents moments du jour subjectif des insectes, nous avons également pu montrer une modulation temporelle de la capacité de *Rhodnius prolixus* à apprendre. Chez cette espèce l'acquisition de l'information, et non la rétention ou l'utilisation de l'information mémorisée, est modulée par le système circadien. Les performances d'apprentissage s'avèrent maximales en début de nuit, lorsque l'insecte est à la recherche d'un hôte sur lequel s'alimenter.

Ces résultats viennent confirmer l'influence du système circadien sur les capacités d'apprentissage des insectes. De plus, ils révèlent l'importance de l'impact des facteurs endogènes sur les capacités cognitives de ces animaux et plus particulièrement la nécessité d'intégrer la dimension temporelle à l'étude expérimentale de l'apprentissage chez les vecteurs de maladies.

P.03 Thermorégulation et gestion du stress thermique lié à l'alimentation chez *Anopheles stephensi*, vecteur de paludisme

C. Lahondère, C.R. Lazzari

chloe.lahondere@etu.univ-tours.fr

Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, UMR CNRS 6035, Université F. Rabelais, F-37000 TOURS

La température est l'un des principaux facteurs conditionnant la survie des insectes. De hautes températures peuvent avoir des effets délétères sur leur physiologie (atteintes du système reproducteur, du développement...). Cependant, pour éviter ou minimiser le risque de stress thermique, plusieurs espèces d'insectes ont mis en place des stratégies de thermorégulation. Qu'en est-il des insectes hématophages qui se nourrissent sur des hôtes dont le sang peut dépasser 40°C ? Ainsi, l'insecte hématophage, sa flore symbiotique mais également les parasites présents dans l'intestin, pourraient pâtir de cet excès de température. Par exemple, des conséquences physiologiques ont été montrées dès 30°C notamment chez la punaise *Rhodnius prolixus*, espèce chez laquelle nous avons dernièrement mis en évidence, grâce à des indices morpho-anatomiques, l'existence d'un mécanisme de thermorégulation très élaboré lui permettant de se protéger du stress thermique.

A fin d'évaluer l'étendue de la thermorégulation chez les hématophages, nous avons alors évalué le risque de stress thermique lié à l'alimentation chez *Anopheles stephensi*, moustique vecteur de *Plasmodium*, agent responsable du paludisme. Par le biais de méthodes thermographiques, nous avons constaté chez ce diptère une forte hétérothermie corporelle pendant la prise du repas sanguin, mais qui est absente lors d'un repas sucré. L'existence d'un mécanisme de thermorégulation est alors avancée comme étant à l'origine de cette hétérothermie chez ce moustique.

Qui plus est, un phénomène particulier se déroule lors de l'alimentation chez cette espèce : la *prédiurèse*. Il s'agit de l'excrétion par l'insecte d'un fluide composé d'urine et de sang frais non digéré, afin de concentrer les nutriments présents dans le sang de l'hôte. Or, lorsque la goutte d'urine est émise et maintenue au bout de l'abdomen, une nette baisse de la température corporelle du moustique a été enregistrée. De plus, en présentant des hôtes de températures différentes à l'insecte, nous avons montré que le phénomène de rétention augmentait avec la température de l'hôte.

Nos résultats révèlent alors l'existence d'un phénomène actif d'*evaporative cooling* chez *Anopheles stephensi* qui permet à l'insecte d'abaisser sa température corporelle pendant l'alimentation.

La valeur adaptative de la thermorégulation chez les hématophages pour se nourrir sur les hôtes les moins défensifs, tout en préservant leur intégrité physiologique ainsi que celle des microorganismes qui lui sont associés, sera discutée.

P.05 X-tox : une famille atypique de protéines immunitaires spécifique des lépidoptères

D. Destoumieux-Garzón¹, M. Brehelin², P. Bulet³, P-A. Girard², E. d'Alençon⁴, A-N. Volkoff⁴, S. Baghdiguian⁵, R. Zumbihl², J-M. Escoubas²

Jean-Michel.Escoubas@univ-montp2.fr

¹ CNRS, IFREMER, Université Montpellier 2, UMR5119 Laboratoire Ecosystèmes Lagunaires, CC80, F-34095 MONTPELLIER – ² INRA, Université Montpellier 2, UMR 1133 Laboratoire Écologie Microbienne des Insectes et Interactions Hôte-Pathogène (EMIP), CC54, F-34000 MONTPELLIER – ³ Université Joseph Fourier, CNRS, UMR 5525, TIMC-IMAG, Bat Le Forum Plateforme BioPark d'Archamps, F-74160 ARCHAMPS – ⁴ UMR 1231 Biologie Intégrative et Virologie des Insectes (BIVI), CC101, F-34095 MONTPELLIER – ⁵ Université Montpellier 2, Institut des sciences de l'évolution UMR5554, CC63, F-34095 MONTPELLIER

Les approches de génomique fonctionnelle menées sur *Spodoptera* nous ont permis de caractériser une nouvelle famille de protéines spécifiques des Lépidoptères, les X-tox (Girard *et al.* 2008, Dev. Comp. Immunol. 32, p575). Ces protéines, de par leur structure, leur profil d'expression et leur localisation, sont complètement atypiques comparées aux effecteurs de la réponse immunitaire déjà décrits chez les insectes. L'originalité de ces protéines réside dans la répétition en tandem de motifs structuraux (cystein-stabilized alpha beta motifs, CS- $\alpha\beta$) caractéristiques des toxines de scorpion ou des défensines d'invertébrés. Les recherches effectuées sur l'ensemble des bases de données eucaryotes, montrent que les X-tox sont inféodées aux Lépidoptères (11 orthologues caractérisés dans 5 superfamilles). Les analyses phylogénétiques menées sur les défensines d'insectes et les protéines X-tox suggèrent que ces dernières ont évoluées à partir des défensines de Lépidoptères.

L'analyse du pattern d'expression du gène *x-tox* de *Spodoptera frugiperda* (*spod-11-tox*, 11 motifs CS- $\alpha\beta$) révèle qu'il est fortement induit lors d'infection et que son expression est majoritairement hémocytaire. Des approches immunohistochimiques et des tests antimicrobiens nous ont permis de montrer que dès 3 heures post infection, 80% des hémocytes circulants produisent la protéine Spod-11-tox. Cette production est indépendante de l'activité phagocytaire des cellules et la protéine n'est pas colocalisée avec les microorganismes phagocytés, ce qui montre que Spod-11-tox n'est pas impliquée dans la destruction des pathogènes intracellulaires. Nous avons également montré que Spod-11-tox, bien que sécrétée dans le plasma de l'insecte, n'est pas clivée en défensines au cours de la réponse immunitaire. L'ensemble de nos résultats montre que les protéines X-tox ne sont pas des réservoirs de défensines et qu'elles ont perdu la fonction antimicrobienne des défensines ancestrales d'insecte (Destoumieux-Garzon *et al.* 2009 PLoS One 4 e6795).

La caractérisation du locus portant le gène *x-tox* dans trois espèces de Lépidoptères (*S. frugiperda*, *H. armigera* et *B. mori*) fait apparaître que dans les trois cas, les gènes *x-tox* sont encadrés par des gènes de défensines. Par ailleurs, les analyses de séquence suggèrent que les gènes *x-tox* ont été formés par des événements de duplications successifs de fragments d'ADN codants, les CS- $\alpha\beta$. Enfin, la comparaison des transcrits caractérisés chez *S. frugiperda* et *B. mori* avec leur gènes respectifs, a permis de montrer que plusieurs transcrits sont produits à partir d'un seul gène par le biais d'un mécanisme d'épissage alternatif. Il est intéressant de noter que, par l'intermédiaire de ce mécanisme un seul gène va permettre de produire un répertoire de protéines qui ne diffèrent que par leur partie C-terminale.

En conclusion, les données obtenues jusqu'à présent sur les protéines X-tox indiquent qu'elles dérivent des défensines de Lépidoptères mais qu'elles ont perdu la fonction des défensines ancestrales. Ces données suggèrent que nous sommes en présence d'un phénomène évolutif ayant conduit à une néo fonctionnalisation d'une famille ancestrale de protéines ; néo fonctionnalisation spécifique à un ordre d'insecte, les lépidoptères.

P.07 Induction of detoxification genes in mosquito larvae in response to xenobiotics and chemical insecticides and their role in insecticide tolerance

M.A. Riaz

muhammad-asam.riaz@e.ujf-grenoble.fr

Laboratoire d'Écologie Alpine, CNRS-UMR 5553, Université Joseph Fourier, BP 53, F-38041 GRENOBLE cedex 09

The effect of exposure of *Aedes aegypti* larvae for 72 h to sub-lethal concentrations of the herbicide glyphosate and the polycyclic aromatic hydrocarbon benzo[a]pyrene on their subsequent tolerance to the chemical insecticides imidacloprid, permethrin and propoxur, detoxification enzyme activities and transcription of detoxification genes was investigated. Bioassays revealed a significant increase in larval tolerance to imidacloprid and permethrin following exposure to benzo[a]pyrene and glyphosate. Larval tolerance to propoxur increased moderately after exposure to benzo[a]pyrene while a minor increased tolerance was observed after exposure to glyphosate. Cytochrome P450 monooxygenases activities were strongly induced in larvae exposed to benzo[a]pyrene and moderately induced in larvae exposed to imidacloprid and glyphosate. Larval glutathione S-transferases activities were strongly induced after exposure to propoxur and moderately induced after exposure to benzo[a]pyrene and glyphosate. Larval esterase activities were considerably induced after exposure to propoxur but only slightly induced by other xenobiotics. Microarray screening of 290 detoxification genes with the DNA microarray *Aedes Detox Chip* and solexa whole genome sequencing identified multiple detoxification and red/ox genes induced by xenobiotics and insecticides. Further transcription studies using real-time quantitative RT-PCR confirmed the induction of multiple P450 genes, 1 carboxy/cholinelesterase gene and 2 red/ox genes by insecticides and xenobiotics.

P.08 Réponse tissu-spécifique au traitement par RNAi chez le puceron du pois : une étude cinétique à l'échelle de l'individu

P. Sapountzis¹, G. Duport¹, K. Gaget¹, S. Balmand¹, S. Jaubert-Possamai³, G. Febvay^{1,2}, H. Charles^{1,2}, Y. Rahbé^{1,2}, S. Colella^{1,2}, F. Calevro^{1,2}

Panagiotis.Sapountzis@jouy.inra.fr

¹ UMR203 Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions (BF2I), INRA, INSA-Lyon, Université de Lyon, F-69621 VILLEURBANNE – ² BAMBOO, INRIA Rhône-Alpes – ³ Institut de la Recherche Agronomique-INRA, UMR1099 BIO3P, Domaine de la Motte, F-35653 LE RHEU

Les pucerons (Hemiptera, Aphididae) appartiennent à l'un des trois grands ordres d'insectes ravageurs des cultures et causent des dégâts importants en climat tempéré. Jusqu'à présent, la lutte contre les pucerons était essentiellement basée sur des méthodes chimiques utilisant les insecticides. Grâce à l'avancement continu des connaissances en génomique et post-génomique, le développement de nouvelles stratégies pour combattre les pucerons est envisageable. L'inactivation post-transcriptionnelle de gènes avec la technique de l'interférence par l'ARN (RNAi) est considérée comme très prometteuse d'abord pour découvrir la fonction de gènes d'intérêt, mais également comme méthode de lutte contre les pucerons. Des études récentes ont montré la faisabilité d'une telle approche pour inactiver les gènes chez le puceron du pois, *Acyrtosiphon pisum*, dont le génome a été récemment séquencé et annoté.

Dans l'étude présentée ici, nous comparons l'efficacité de l'inactivation génique par RNAi administré chez le puceron du pois soit par micro-injection, soit par voie alimentaire, en utilisant comme gène cible celui codant la cathepsine-L (gène relativement bien connu en termes de localisation tissulaire chez *A. pisum*). La zone du gène à cibler a été définie à l'aide de l'outil E-RNAi (<http://www.e-rnai.org/>), récemment implémenté pour le génome du puceron du pois. Les pucerons ont été traités à partir du stade larvaire L3 et suivis durant une période de cinq jours. L'efficacité de l'inactivation génique a été analysée par RT-PCR quantitative 24, 48, et 120 heures après le début du traitement. Nous avons quantifié séparément la réponse de 5 compartiments corporels du puceron (les bactériocytes, l'intestin, les chaînes embryonnaires, la tête et le reste de la carcasse) dans chaque individu traité.

Notre étude montre que l'efficacité de l'inactivation génique (qui varie de 0 à 80 % comparativement aux contrôles) est dépendante de la méthode d'administration, du temps de traitement, de l'individu et, surtout, du tissu analysé. De plus, si des modifications du comportement des pucerons sont observées quelle que soit la méthode d'administration, l'analyse histologique révèle un effet spécifique sur le tube digestif des pucerons traités par voie alimentaire.

Ce travail souligne la nécessité d'une analyse individuelle cinétique et tissu-spécifique pour caractériser le réel effet phénotypique d'un traitement par RNAi chez les pucerons.

P.09 Caractérisation de la chromatine centromérique chez une espèce holocentrique : le puceron du pois (*Acyrtosiphon pisum*)

M-V. Trap-Gentil¹, F. Legeai^{1,2}, S. Stanojic³, S. Jaubert¹, D. Tagu¹

marie.trap-gentil@rennes.inra.fr

¹ INRA Rennes, UMR 1099 BiO3P INRA - Agrocampus Rennes - Université Rennes 1, BP35327, F-35653 LE RHEU cedex – ² INRIA Centre Rennes - Bretagne Atlantique, GenOuest, Campus de Beaulieu, RENNES – ³ Unité de Biologie Intégrative et Virologie des Insectes, UMR1231 INRA - Université Montpellier II, Place Eugène Bataillon, F-34095 MONTPELLIER Cedex 5

Chez la plupart des espèces eucaryotes, les chromosomes sont monocentriques, c'est-à-dire que les chromatides sœurs sont reliées au niveau d'un unique centromère. Il a été établi, chez plusieurs de ces espèces que ce centromère ainsi que ses régions péricentromériques forment une zone d'hétérochromatine (chromatine condensée) pauvre en gènes et riche en séquences répétées. Cependant, quelques espèces eucaryotes possèdent des chromosomes dits holocentriques qui présentent un centromère dispersé sur toute leur longueur, ce qui suggère également une répartition particulière de l'hétérochromatine centromérique et des gènes à l'échelle du chromosome. D'autre part, comme l'état d'hétérochromatine entraîne une inhibition de l'expression des gènes, on peut s'interroger sur l'effet de l'holocentrisme sur la régulation des gènes.

Dans le but de pouvoir mieux caractériser le chromosome holocentrique, nous avons entrepris de cartographier l'hétérochromatine centromérique et l'euchromatine sur le génome du puceron du pois (clone LRS1). Nous avons utilisé la technique d'immunoprécipitation de la chromatine (ChIP). Deux marques épigénétiques ont été utilisées: (1) la diméthylation de la lysine 4 de l'histone H3 (H3K4me2) qui est une marque d'euchromatine et d'hétérochromatine centromérique et (2) la diméthylation de la lysine 9 de l'histone H3 (H3K9me2) qui est une marque hétérochromatienne ; leurs zones de recoupement nous permettant d'identifier la chromatine centromérique. La spécificité des anticorps utilisés sur le puceron a été vérifiée par Western Blot. La spécificité de la chromatine immunoprécipitée pour les deux marques (H3K4me2 et H3K9me2), ainsi que leur enrichissement respectif en euchromatine et hétérochromatine ont été testés par PCRq à l'aide de marqueurs euchromatiens (gènes ribosomiques) et de marqueurs supposés hétérochromatiens situés dans des régions pauvres en gènes et riches en éléments transposables. Les ADN immunoprécipités obtenus ont ensuite été séquencés par la technique du pair-end (Solexa) et sont en cours d'analyse et de cartographie.

P.10 Le stock de spermatozoïdes au cœur de la reproduction : exemple chez les hyménoptères parasitoïdes

C. Bressac, C. Chevrier

bressac@univ-tours.fr

Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, UMR CNRS 6035, Université de Tours, F-37200 TOURS

La plupart des études sur la reproduction des insectes portent sur les femelles. Dans de nombreux systèmes les mâles ne sont pas considérés une ressource limitante et il est admis qu'ils interviennent au tout début du processus de reproduction en transférant un stock également non limitant de spermatozoïdes. Toutefois, la compréhension des stratégies de reproduction peut nécessiter des informations déterminantes provenant de l'étude des mâles.

Nous avons choisi les hyménoptères parasitoïdes pour leur déterminisme haplo-diploïde du sexe. En effet, lorsqu'un œuf est fécondé par un spermatozoïde il se développe en femelle, sinon il donne un mâle. Ainsi, la sex ratio de la descendance est directement liée à l'utilisation des spermatozoïdes par la femelle. Ceci place le stock de spermatozoïdes, chez les mâles et chez les femelles après l'accouplement, au centre des études sur la reproduction.

Notre modèle est *Anisopteromalus calandrae*, hyménoptère ptéromalidé, ectoparasitoïde solitaire des larves de bruches. En laboratoire, nous avons mesuré le potentiel de reproduction des mâles et des femelles en conditions optimales d'environnement et de disponibilité des ressources (accouplement et ponte), ce qui nous a permis de définir ce qui pouvait être une capacité de reproduction « normale ». Le trait le plus marquant de leur système de reproduction est le très petit nombre de spermatozoïdes mis en jeu : quelques milliers chez le mâle, autour d'une centaine chez la femelle. Ceci renforce l'intérêt du modèle par rapport à la plupart des espèces (animales et végétales) qui « gaspillent » les gamètes mâles.

Dans ces études, nous avons cherché des contraintes environnementales qui pouvaient conduire à une situation d'altération de la fertilité des mâles. Nous avons soumis des mâles parasitoïdes en développement à des contraintes 1. nutritionnelle (la ressource hôte), 2. physique (choc froid, stress chaud) 3. chimique (stress oxydant). Dans chaque situation, ces contraintes ont entraîné une réduction de la quantité de spermatozoïdes présents dans les vésicules séminales des mâles à l'émergence. Ces mâles expérimentaux ont une reproduction normale lorsqu'ils sont testés en présence d'une femelle en accouplement simple mais ils sont désavantagés à la fois lors de compétitions entre mâles et lors d'accouplements répétés, ce qui permet de les qualifier d'« hypofertiles », c'est-à-dire dotés d'une capacité de reproduction inférieure à la normale mais non stériles.

Ainsi, au niveau des populations, la capacité de reproduction globale des mâles est souvent surestimée du fait de leur histoire individuelle, d'une part au cours de leur développement, d'autre part lors de leur vie adulte (âge, taille, passé reproducteur...). La sex-ratio opérationnelle pourrait être plus justement estimée par un pool global de spermatozoïdes, à disposition des femelles, réparti entre les mâles selon leur niveau de fertilité.

P.12 Biologie de *Cixius wagneri*, le fulguromorphe vecteur de '*Candidatus Phlomobacter fragariae*' dans les fraiseraies et conséquence pour l'épidémiologie de la chlorose marginale du fraisier

P. Salar¹, J-L. Danet¹, J-J. Pommier², X. Foissac¹

foissac@bordeaux.inra.fr

¹ UMR1090, INRA - Université Bordeaux2, BP81, F-33883 VILLENAVE D'ORNON – ² Hortis Aquitaine, Maison Jeannette, F-24140 DOUVILLE

'*Candidatus Phlomobacter fragariae*' est l'agent protéobactérien majoritairement responsable de la chlorose marginale du fraisier (CMF) qui est transmise par la cicadelle *Fulguromorpha Cixius wagneri*. Pour élucider la biologie de cet insecte un essai au champ a été réalisé. Les objectifs étaient de déterminer si *C. wagneri* est capable de se reproduire sur fraisiers, de mesurer combien de générations d'insectes ont lieu chaque année et de déterminer la capacité des larves à transmettre la CMF. Au printemps 2004, 80 *C. wagneri* adultes ont été déposés dans 4 tunnels insect-proof contenant 30 fraisiers sains. Quinze pourcents de ces insectes étaient porteurs de la protéobactérie. En octobre 2004, seules 3 jeunes larves furent trouvées dans le premier tunnel démontrant l'absence de nouvelle génération estivale. En avril 2005, 430 *C. wagneri* des stades larvaires L1 à L5 furent collectés sur les racines des plantes du second tunnel. Ces résultats indiquent clairement qu'une seule génération avait passé l'hiver sous forme de larves qui émergent au printemps suivant. Tous les stades larvaires furent démontrés porteurs de '*Ca. P. fragariae*' (70 à 75% des larves) et s'avérèrent capables de transmettre la CMF lors d'essais de transmission au fraisier. Un traitement insecticide fut appliqué au troisième tunnel en mars 2005 et un quatrième tunnel non traité fut conservé comme contrôle. Plus de 200 *C. wagneri* adultes purent être collectés dans ce tunnel 4 en juin 2005 confirmant qu'une génération s'était bien déroulée dans ce tunnel, alors qu'aucun insecte n'a pu être trouvé dans le tunnel 3. Toutes les plantes ont été contrôlées pendant deux ans et testées par PCR 16S pour détecter la présence de '*Ca. P. fragariae*'. Les résultats indiquent une plus forte mortalité et incidence CMF dans le tunnel 2 que dans le tunnel 1, démontrant que les larves de *C. wagneri* ont bien propagé la maladie. Une moindre mortalité et une plus faible incidence de CMF dans le tunnel 3 permettent de penser qu'un traitement insecticide permettrait de contrôler la maladie.

P.13 Le coût de reconstruction du fourreau chez le trichoptère *Limnophilus rhombicus* : impacts chez la larve et l'adulte

N. Mondy, E. Cathalan, C. Hemmer, Y. Voituron

perrinau@supagro.inra.fr

Université de Lyon 1, UMR CNRS 5023, Ecophysiologie Comportement Conservation, F-69622 VILLEURBANNE Cedex

Quant une ressource qui doit être partagée entre différentes fonctions de l'organisme est limitée, son allocation à un des traits de l'individu se fera au détriment des autres caractères (principe de l'allocation de ressources, Levins 1968). A ce titre, la construction animale, présente chez des espèces appartenant à des groupes très différents et très variés (Hansell, 2005), est particulièrement intéressante car très consommatrice de temps et d'énergie. Les larves aquatiques de *Limnophilus rhombicus* (Trichoptera, Limnophilinae) construisent des fourreaux larvaires et nymphaux à partir de particules minérales et/ou organiques provenant de leur environnement qui sont agglomérées à l'aide de fils de soie. De telles constructions nécessitent de la part de la larve en pleine croissance un investissement énergétique important dû à la fois à la recherche et la manipulation des matériaux de construction, ainsi qu'à la production de soie (Stevens et al., 1999, 2000). Les adultes ne se nourrissant pas ou très peu, les ressources larvaires doivent se répartir entre la croissance, la construction et enfin la production de gonades adultes.

Afin de déterminer le coût physiologique réel de la construction, nous avons expérimentalement manipulé l'allocation des ressources de cet insecte en l'obligeant à reconstruire un fourreau au début du 5^{ième} et dernier stade larvaire. Une première étude a montré que l'activité de construction des larves augmente significativement leur consommation en oxygène (574 ± 42 nmol d'O₂/h/mg de poids sec) par rapport aux larves témoins (391 ± 52 nmol d'O₂/h/mg de poids sec). Dans une seconde étude, nous avons montré que cette nette augmentation du métabolisme se traduisait par i) une utilisation des sucres de larves (augmentation de 96% des sucres circulants par rapport aux larves témoins) et ii) une perte de 35% du contenu en protéines des larves. A l'inverse, les réserves lipidiques ne sont pas impactées par le comportement de construction. De plus, nos résultats révèlent que *L. rhombicus* est incapable de compenser cette perte en protéines, qui sont des composés essentiels pour la fabrication des œufs, ni durant la fin du stade larvaire, ni durant le processus de métamorphose. Nous suggérons que cette perte en protéine serait due à la production de soie nécessaire à la fabrication du fourreau et pourrait avoir des conséquences importantes sur la *fitness* des insectes.

- Hansell M, 2005. Animal architecture. Willmer P & Norman D (eds), *Oxford University Press, Oxford*, 322 p.
- Stevens D.J. et al., (1999) *Proc. R. Soc. Lond. B*, 266, 1049-1054
- Stevens D.J. et al., (2000) *Proc. R. Soc. Lond. B*, 267, 1511-1515

P.14 Intégration de la fluctuation environnementale à l'étude des normes de réaction chez *Venturia canescens* : quelles sont les conséquences ?

V. Foray, E. Desouhant, P. Gibert

foray@biomserv.univ-lyon1.fr

Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive, UMR CNRS 5558, Université Claude Bernard Lyon1, 43 bd du 11 novembre 1918, F-69622 VILLEURBANNE

L'impact des conditions environnementales sur le phénotype a classiquement été étudié via l'analyse de normes de réaction, *i.e.* la relation liant la valeur exprimée du phénotype en fonction de l'environnement pour un génotype donné. Les modèles théoriques prédisent que les individus adaptés à des conditions variables de l'environnement expriment une norme de réaction plus stable et donc moins affectée par les valeurs environnementales extrêmes. Cependant, la grande majorité des études s'affranchissent d'une partie du contexte écologique dans lequel évolue leur modèle biologique en construisant leurs normes de réaction à partir de conditions environnementales constantes et non fluctuantes au cours du temps. Chez l'Hyménoptère parasitoïde *Venturia canescens*, les femelles présentent deux modes de reproduction ; elles se reproduisent soit par parthénogenèse thélytoque soit par arrhénotoquie. Ces deux types d'individus vivent dans des environnements contrastés, notamment en termes de variabilité thermique, et montrent des normes de réactions conformes aux prédictions théoriques lorsque les températures utilisées sont constantes au cours du développement. Notre objectif est de déterminer si ce patron général demeure valide lorsque les animaux font face à la variabilité du régime thermique. Pour cela nous comparons les normes de réaction de différents traits, étroitement liés à la valeur adaptative, chez des femelles *V. canescens* des deux modes de reproduction s'étant développées à différentes températures moyennes (20°C, 25°C et 30°C) et selon deux régimes thermiques, constant ou décrivant des fluctuations journalières. Une étape de validation *in natura* est également menée afin de tester si les différences observées dans la première expérience sont maintenues lorsque les femelles parasitoïdes sont soumises, lors de leur développement larvaire, à la variabilité climatique des conditions naturelles.

P.15 Comment deux espèces parasitoïdes peuvent être sympatriques ?

R. Mohamad, J.P. Monge, M. Goubault

dib305@hotmail.com

IRBI, UMR 6035 Université de Tours, Avenue Monge, F-37200 TOURS

Quand deux espèces exploitent la même niche écologique, elles entrent en compétition. La compétition interspécifique peut conduire à l'exclusion de l'une d'entre elles, toutefois il est possible qu'un équilibre s'installe et que les deux espèces coexistent et soient sympatriques. La compétition des espèces se décline de deux façons, (i) la compétition par exploitation, lorsqu'une femelle est amenée à fréquenter la niche alors que la femelle de l'autre espèce s'est éloignée et (ii) la compétition par interférence lorsque les deux femelles sont présentes simultanément dans la niche écologique. Les stratégies développées dans les deux types de compétition peuvent elles se contrebalancer et expliquer la sympatrie.

Eupelmus vuilleti et *Dinarmus basalis* sont deux espèces de parasitoïdes solitaires, exploitant la même niche écologique, les larves et les nymphes de *Callosobruchus maculatus* un coléoptère séminivore dont les populations se développent, au sein des systèmes de stockage traditionnels du Niébé (*Vigna unguiculata* Walp).

En situation de compétition par exploitation, *D. basalis* rejette les hôtes parasités alors que *E. vuilleti* les accepte voire les recherche et les préfère à des hôtes sains. De surcroît, à ces capacités de multiparasitisme est associé un comportement ovicide et larvicide. Ainsi *E. vuilleti* a les caractéristiques d'une espèce qui devrait exclure *D. basalis*. Comment *D. basalis* peut-il se maintenir dans la même niche écologique ?

Nous avons pu observer que les femelles de ces deux espèces expriment, en situation de compétition par interférence des comportements agonistiques de défense des hôtes. L'objectif de ce travail est d'étudier ces comportements et en particulier l'effet de facteurs influençant les capacités à se battre des femelles (poids) et leur motivation (charge en œufs et qualité de l'habitat précédent) sur la résolution des conflits. Ainsi nous pourrions déterminer si les comportements en situation de compétition par interférence peuvent contrebalancer les comportements en situation de compétition par exploitation et permettre la sympatrie.

P.16 Modélisation de la dynamique d'insectes dans des systèmes sociaux-écologiques complexes : le cas de ravageurs des cultures dans les Andes

F. Rebaudo¹, J-F. Silvain¹, O. Dangles^{1,2}

rebaudo@legs.cnrs-gif.fr

¹ IRD, Labo. LEGS c/o CNRS, Avenue de la Terrasse, Bat. 05, BP1, F-91198 Gif-sur-Yvette Cedex ; Université Paris-Sud 11, F-91405 ORSAY Cedex – ² PUCE, Laboratorio de Entomologia, oficina 207, Edificio de Ciencias, Av. 12 de Octubre 1076 y Patria, QUITO, ECUADOR

Dans de nombreux écosystèmes anthropisés, la dynamique populationnelle des insectes est sous l'influence de paramètres écologiques et sociaux. La prise en compte conjointe de ces paramètres constitue actuellement un défi majeur tant sur le plan conceptuel qu'appliqué. Afin de mieux comprendre le fonctionnement de ces systèmes complexes, nous proposons une démarche intégrative des paramètres écologiques et des comportements humains par le couplage de modélisations automate cellulaire et multi-agents. Cette démarche permet de prendre en compte d'une part la dynamique des populations des espèces cibles et d'autre part les impacts humains directs et indirects sur cette dynamique. Dans ce contexte, notre étude se focalise sur la dynamique de trois espèces de teignes de la pomme de terre au sein d'un paysage agricole dans le nord de la cordillère des Andes, en Equateur. Ces ravageurs invasifs récemment introduits occasionnent des pertes de récoltes de l'ordre de 60 à 70% dans une zone où les populations locales, essentiellement de petits agriculteurs, dépendent directement de la pomme de terre pour leur subsistance. A l'échelle d'une communauté d'agriculteurs, la dynamique des insectes est modélisée par un automate cellulaire validé par un réseau de pièges à phéromones. Cependant, les paramètres écologiques n'expliquent pas à eux seuls les dynamiques naturelles observées. Les paramètres sociaux sont ainsi à considérer, et au sein de ce système, les agriculteurs sont représentés par un système multi-agents en interaction avec l'automate cellulaire. Au niveau du système représenté, les impacts des activités humaines sur la dynamique des insectes sont très variables en fonction du comportement individuel des agriculteurs. L'approche système multi-agents permet d'intégrer cette hétérogénéité des comportements, tout comme l'adaptation des agriculteurs aux situations auxquelles ils sont confrontés (niveau de connaissance de contrôle des ravageurs, niveau d'infestation et seuils de perception du ravageur). Notre étude montre que la coopération entre agriculteurs via la coordination de leurs actions et la diffusion de l'information concernant les ravageurs apparaissent comme les éléments clefs pour le contrôle des populations d'insectes. Les connaissances des dynamiques d'insectes sont ainsi renforcées et intégrées dans un contexte socio-écologique. Au-delà du cas des teignes de la pomme de terre dans la zone nord andine, notre démarche se veut transposable à d'autres espèces et s'inscrit de manière plus générale dans un effort de modélisation de la dynamique de la biodiversité au sein des systèmes sociaux-écologiques complexes.

P.17 Automatisation de l'enregistrement de déplacements alimentaires chez une sésamie

F. Chardonnet¹, B. Chouquet¹, B. Le Rü^{1,2}, J-F. Silvain¹, L. Kaiser^{1,3}

floriane.chardonnet@legs.cnrs-gif.fr

¹ Laboratoire Evolution, Génomes et Spéciation, CNRS UPR 9034, IRD UR72 et Univ Paris-Sud Orsay, 1 Avenue de la Terrasse, F-91198 GIF-SUR-YVETTE Cedex – ² ICIPE - African Insect Science for Food and Health, Duduville Campus, Kasarani, P.O. Box 30772 - 00100 NAIROBI, KENYA – ³ Physiologie de l'Insecte, Signalisation et Communication, INRA, Centre de Versailles-Grignon, Route de St Cyr, F-78026 VERSAILLES Cedex

La noctuelle foreuse *Sesamia calamistis* (Lepidoptera : Noctuidae) présente deux populations génétiquement différenciées sur Poacées sauvages et cultivées. Les individus exploitant les plantes sauvages, moins nutritives et généralement plus dispersées que les plantes cultivées, sont susceptibles de parcourir de plus grandes distances et de changer de plantes hôtes plus fréquemment durant leur développement. Le gène *foraging* (*for*), qui code pour une protéine kinase (PKG) dépendante de la GMPC, est actuellement considéré comme un gène candidat pour étudier l'évolution des comportements alimentaires car il est associé à la variation de l'activité de recherche alimentaire chez plusieurs insectes. D'où l'hypothèse que la variabilité de l'orthologue du gène *for* (*Scfor*) observée chez *S. calamistis* modulerait la capacité des populations à adapter leurs comportements alimentaires aux Poacées sauvages ou cultivées.

Nous avons d'abord mis au point un système d'analyse comportementale, « l'actimètre », permettant l'enregistrement automatique des déplacements des chenilles entre deux sites alimentaires disposés aux extrémités d'un tube muni de détecteurs photoélectriques infrarouges. Nous avons ainsi étudié l'effet du jeûne sur cette activité locomotrice. La privation alimentaire s'est traduite par une réduction de la locomotion, en raison d'une augmentation de l'activité de consommation de nourriture.

Ensuite, nous avons testé l'effet d'un traitement à des concentrations croissantes d'un activateur de la PKG (le 8-Br-cGMP), pour évaluer de manière indirecte l'influence du gène *Scfor* sur les déplacements alimentaires. La concentration 500 µM tend à augmenter le nombre de déplacements effectués, à l'inverse de la dose 1000 µM. Enfin, nous avons évalué l'effet de ce traitement sur la croissance et l'activité locomotrice en réponse à une diminution de la qualité du milieu nutritif. Les résultats obtenus montrent qu'un appauvrissement du milieu augmente les changements de sites alimentaires, et qu'un traitement chronique avec l'activateur ne permet pas d'induire une modification des performances de croissance, pourtant corrélées au niveau de la PKG chez la drosophile. Si de nouvelles expériences sont nécessaires pour comprendre le rôle du gène *foraging* dans l'écologie de *S. calamistis*, nos résultats suggèrent que ce gène influence les niveaux d'activité locomotrice associés à l'alimentation.

P.18 Étude longitudinale de l'activité de récolte et des réseaux de pistes d'approvisionnement chez l'espèce de fourmi champignonniste *Atta bisphaerica* Forel (Hymenoptera : Formicidae)

R. Barbosa¹, M. Brugger^{1,2}, L. Carlos Forti², J. Lopes¹, V. Fourcassié³

fourcass@cict.fr

¹ Universidade Federal Juiz de Fora, Instituto de Ciências Biológicas, Campus Universitario de Martelos, 360339000 JUIZ DE FORA -MG, BRÉSIL – ² UNESP, Faculdade de Ciências Agrônomicas, Departamento de Produção Vegetal, P.O. Box 237, 18603-979 BOTUCATU-SP, BRÉSIL – ³ Centre de Recherches sur la Cognition Animale, UMR CNRS 5169, 118 route de Narbonne, F-31062 TOULOUSE cedex 4

Atta bisphaerica Forel, 1908, est une espèce de fourmi champignonniste qui se rencontre dans les milieux ouverts de la région du centre-est du Brésil. Elle peut construire des nids de très grande taille, pouvant contenir jusqu'à plusieurs millions d'individus (Moreira *et al.*, 2004). Pour nourrir le champignon avec lequel elle vit en symbiose, *A. bisphaerica* récolte des feuilles de plantes monocotylédones, et non pas de plantes dicotylédones comme la plupart des espèces appartenant au genre *Atta*. Elle peut occasionner des dégâts très importants dans les plantations de canne à sucre, de riz ou de maïs et, dans une moindre mesure, dans les pâturages où elle peut faire concurrence au bétail. Le recrutement vers de nouveaux sites de récolte se fait par le dépôt d'une phéromone de piste et les pistes chimiques se transforment rapidement en pistes physiques de 3-5cm de large que l'on peut suivre sur le sol même en l'absence d'activité.

Notre étude a consisté à suivre pendant 8 mois, de novembre 2009 à juin 2010 et à raison d'une visite tous les 15 jours environ, l'activité de récolte de 4 nids matures de *A. bisphaerica* situés dans un pâturage localisé sur la municipalité de Coronel Pacheco (Minas Gerais, Brésil). A chaque visite était noté : le nombre de nouveaux orifices de sortie apparus depuis la dernière visite, l'état des orifices de sortie déjà apparus (actifs, inactifs ou obturés), ainsi que le nombre et la longueur des pistes physiques issues de chaque orifice actif. Une cartographie de la localisation des orifices de sortie et de la position des pistes physiques était également réalisée.

La végétation récoltée par les ouvrières appartient principalement aux deux espèces de graminées les plus fréquentes dans les pâturages, à savoir *Brachiaria decumbens* et *Paspalum notatum*. L'activité de récolte la plus forte est observée entre 15 et 20°C. Une légère baisse de l'activité est notée au début de l'année, au moment de la saison des pluies. Pour l'ensemble des nids suivis on note, tout au long des 8 mois d'observation, une augmentation globale du nombre d'orifices actifs et du nombre de pistes physiques actives, ainsi qu'une extension de l'étendue de l'aire d'approvisionnement et une augmentation du nombre de secteurs prospectés autour du nid. Les orifices de sortie se situent à l'extrémité de tunnels souterrains partant du nid qui ont en moyenne une vingtaine de mètres de long (étendue : 6-40 m). De nouveaux tunnels sont construits tout au long de l'année et les tunnels existants sont prolongés, ce qui donne lieu à l'apparition de nouveaux orifices. Ces orifices peuvent être tour à tour actifs ou inactifs ou momentanément obturés. Jusqu'à une cinquantaine d'orifices peuvent être actifs en même temps et jusqu'à 4 pistes physiques peuvent être observées partant de ces orifices. Ces pistes sont pour la grande majorité radiales par rapport au nid et peuvent atteindre jusqu'à une vingtaine de mètres de long. Ces chiffres témoignent de l'importance de l'activité de récolte de *A. bisphaerica* en milieu de pâturages.

P.19 Auteur absent et non-inscrit – Poster non présenté

A series of 24 horizontal dashed lines for writing.

P.20 Approche de génétique des populations du puceron lanigère du peuplier *Phloeomyzus passerinii*, une espèce émergente en France

S. Pointeau, S. Bankhead-Dronnet, C. Martin, A. Sallé, F. Lieutier

sophie.pointeau@laposte.net

UPRES EA 1207, Laboratoire de Biologie des Ligneux et des Grandes Cultures, Université d'Orléans, Rue de Chartres, BP 6759, F-45067 ORLÉANS Cedex

Le puceron lanigère du peuplier, *Phloeomyzus passerinii* (Sternorrhyncha : Aphididae : Phloeomyzinae) est responsable de dégâts considérables dans les peupleraies françaises et sud-européennes. Ce puceron se nourrit sur le tronc d'arbres matures appartenant au genre *Populus* et peut causer une perte de croissance et même des mortalités massives en cas de fortes infestations. L'explosion de certaines populations est un phénomène récent puisque les premières pullulations ont été recensées dans les années 1980 en Italie et en 1995 en France. De nouveaux départements sont désormais touchés tous les ans. Très peu de données existent au sujet de la biologie et de la génétique de *P. passerinii*, unique représentant de la sous-famille des Phloeomyzinae. Néanmoins, une étude de structure des populations contribuerait à élucider la dynamique des foyers d'infestation. Dans ce but, quelques femelles virginipares aptères issues de 29 localités françaises et 10 italiennes et espagnoles ont été échantillonnées en 2009. Trois marqueurs moléculaires mitochondriaux ont été étudiés pour l'ensemble des populations échantillonnées : un fragment partiel codant pour la cytochrome oxydase I (COI), celui codant pour le tRNA-leucine et la cytochrome oxydase II (COII), et un fragment codant pour le cytochrome b. L'analyse de ces marqueurs mitochondriaux a révélé la présence de cinq haplotypes dont deux haplotypes uniques, la distance génétique maximale entre haplotypes étant de 0.6%. La répartition des haplotypes est plutôt localisée et celui qui s'avère majoritairement présent en France est le même que celui présent en Espagne. D'autre part, de nombreux marqueurs microsatellites ont été développés grâce au projet AIP BioRessources 2009. En effet, chez les pucerons, les microsatellites sont les seuls marqueurs génétiques codominants suffisamment polymorphes pour identifier des clones et estimer l'importance relative de la reproduction sexuée vs la reproduction parthénogénétique ainsi que pour étudier la structure génétique des populations. Les premiers résultats sont présentés.

P.21 Structure génétique des populations du complexe *Triatoma brasiliensis* du Nordeste brésilien (Piauí, Bahia) vectrices de la maladie de Chagas

L. Pingault¹, M. Leconte², C. Romana³, M. Harry¹

myriam.harry@u-psud.fr

¹ LEGS, CNRS, IRD, Université Paris-Sud 11, F-91198 GIF-SUR-YVETTE – ² IRD, UR076, LEGS, F-91198 GIF-SUR-YVETTE – ³ Université Paris Descartes/Espace S140, IRD FRANCE

En Amérique Latine, la maladie de Chagas touche près de 10 millions de personnes. L'émergence de cette maladie de Chagas est directement liée aux interactions homme-milieu du fait de la destruction du biotope naturel des punaises hématophages Triatominae, vecteurs de l'agent étiologique *Trypanosoma cruzi* responsable de cette parasitose humaine. En effet, certaines populations de vecteurs colonisent les habitats péridomestiques et domiciliaires. L'objectif de notre étude est de documenter les mécanismes de dispersion et de domiciliation des vecteurs afin de mettre en place des campagnes de lutte anti-vectorielles efficaces.

Notre étude porte sur le complexe *Triatoma brasiliensis* du Nordeste brésilien. Les individus ont été échantillonnés dans l'état de Piauí (n = 134) et de Bahia (n = 121) essentiellement en milieu anthropisé (habitats péridomestique et domestique).

Des séquences mitochondriales (cytb, COI) ont été utilisées pour vérifier le statut taxinomique des échantillons. Les analyses phylogéographiques (Maximum de Vraisemblance, analyse Bayésienne) et de comparaison d'haplotypes montrent que les individus échantillonnés dans l'état de Piauí appartiennent à l'espèce *T. brasiliensis*, alors que ceux échantillonnés dans l'état de Bahia, sont répartis en deux clades, celui de *T. brasiliensis juazeirensis*, comme attendu mais également dans un nouveau clade.

A l'aide de marqueurs microsatellites, des informations concernant les flux géniques entre habitats peuvent être dégagés pour chacune des espèces. Même si très peu d'individus sylvatiques ont été soumis à l'analyse (*T. juazeirensis*, Bahia), ils ne forment pas une entité génétique distincte des individus échantillonnés dans les anthroposystèmes (domiciliaires ou péridomestiques). De plus, la diversité génétique constatée dans les localités où l'effectif des insectes est important montre que les populations des maisons ne sont pas totalement isolées et que des flux géniques récents (arrivée de migrants) ont eu lieu. La structuration des espèces échantillonnées (*T. juazeirensis*, espèce inconnue, *T. brasiliensis*) en au moins deux sous-populations n'est pas en première approximation, explicable par la variable localité, chaque localité ne définit pas une sous-population. Ceci renforce l'hypothèse de flux géniques entre localités. La prise en compte d'un plus grand nombre de variables environnementales devrait permettre une meilleure compréhension de la dispersion de ces vecteurs.

P.23 Comparative analysis of transposable elements in the *melanogaster* subgroup sequenced species

E. Lerat, C. Biémont, C. Vieira

lerat@biomserv.univ-lyon1.fr

Laboratoire Biometrie et Biologie Evolutive, Universite Claude Bernard - Lyon 1, UMR-CNRS 5558 - Bat. Mendel, 43 bd du 11 novembre 1918, F-69622 VILLEURBANNE Cedex

Transposable elements (TEs) are indwelling components of genomes, and their dynamics have been a driving force in genome evolution. Although we now have more information concerning their amounts and characteristics in various organisms, we still have little data from overall comparisons of their sequences in very closely-related species. While the *Drosophila melanogaster* genome has been extensively studied, we have only limited knowledge regarding the precise TE sequences in the genomes of the related species *D. simulans*, *D. sechellia* and *D. yakuba*. In this study we analyzed the number and structure of some TE copies in the sequenced genomes of these four species. Our findings show that, unexpectedly, the number of TE insertions in *D. simulans* is greater than that in *D. melanogaster*, but that most of the copies in *D. simulans* are degraded and in small fragments, as in *D. sechellia* and *D. yakuba*. This suggests that all three species were invaded by numerous TEs a long time ago, but have since regulated their activity, as the present TE copies are degraded, with very few full-length elements. In contrast, in *D. melanogaster*, a recent activation of TEs has resulted in a large number of almost-identical TE copies. We have detected variants of some TEs in *D. simulans* and *D. sechellia*, that are almost identical to the reference TE sequences in *D. melanogaster*, suggesting that *D. melanogaster* has recently been invaded by active TE variants from the other species. Our results indicate that the three species *D. simulans*, *D. sechellia*, and *D. yakuba* seem to have a different mechanism to control their TEs compare to *D. melanogaster*. Moreover, we show that *D. melanogaster* has been invaded by active TE variants for several TE families likely to come from *D. simulans* or the ancestor of *D. simulans* and *D. sechellia*. The numerous horizontal transfer events implied to explain these results could indicate introgression events between these species.

P.24 L'environnement génomique influence la dynamique du rétrotransposon tirant chez *Drosophila simulans*

M. Fablet¹, E. Lerat¹, R. Rebollo^{1,4}, B. Horard^{2,5}, N. Burlet¹, S. Martinez¹, E. Brasset³, E. Gilson², C. Vaury³, C. Vieira¹

marie.fablet@univ-lyon1.fr

¹ Laboratoire de Biométrie, Biologie Evolutive, CNRS, Université Lyon1, F-69621 VILLEURBANNE – ² Laboratoire de Biologie Moléculaire de la Cellule, CNRS, ENS, Université Lyon1, F-69621 VILLEURBANNE – ³ Génétique, Reproduction et Développement, INSERM, Université d'Auvergne, F-63000 CLERMONT-FERRAND – ⁴ Current adress: Terry Fox Laboratory, BC Cancer Agency, VANCOUVER, Canada – ⁵ Current adress: Centre de Génétique Moléculaire et Cellulaire, CNRS, Université Lyon1, F-69621 VILLEURBANNE

Les génomes de la plupart des êtres vivants hébergent des éléments transposables, et ce dans des proportions très variables, y compris entre espèces proches, voire entre populations d'une même espèce.

A ce titre, le rétrotransposon tirant montre une très grande variabilité de nombre de copies et d'activité dans les populations naturelles de *Drosophila simulans*. Afin de comprendre cette dynamique particulière, nous avons combiné des analyses génomique et fonctionnelle. Nous avons ainsi identifié deux sous-familles, dont les promoteurs sont fonctionnels *in vitro*. Néanmoins, nous avons pu établir que, *in vivo*, l'une de ces familles est inactive du fait de son environnement génomique.

Il apparaît ainsi que le contexte génomique, en particulier chromatinien, dans lequel est inséré une copie d'élément transposable détermine son activité *in vivo*, et donc conditionne la dynamique de l'élément dans le génome qui l'héberge.

P.25 La formation d'hétérochromatine est corrélée avec l'apparition de petits ARN non codants de type "rasiARNs" (repeats associated siRNA) au cours du développement du lépidoptère holocentrique *Spodoptera frugiperda*

S. Stanojic¹, S. Gimenez¹, F. Cousserans¹, E. Permal², H. Quesneville², P. Fournier¹, E. d'Alençon¹

sstanojc@univ-montp2.fr

¹ UMR 1231 INRA - Université Montpellier II, Place Eugène Bataillon, F-34095 MONTPELLIER Cedex – ² UR 1164, INRA, Centre de recherche de Versailles, bât. 18, RD 10, Route de Saint Cyr, F-78026 VERSAILLES Cedex

Spodoptera frugiperda est un des ravageurs des cultures les plus destructeurs au monde. Il partage avec les lépidoptères un mode de développement de type holométabole, comprenant un stade œuf suivi de six stades larvaires (L1 à L6), puis un stade chrysalide dont émerge l'insecte adulte. Le génome de *S. frugiperda* a une taille de 400 Mb répartis sur 31 paires de chromosomes de type « holocentriques », c'est-à-dire présentant un centromère diffus avec un kinétochore s'étendant sur presque toute leur longueur.

Les piARNs (ARNs non codants liés à la protéine PIWI) ont un rôle important dans le développement de la lignée germinale chez la drosophile, les poissons et la souris. Les séquences de ces piARNs se retrouvent sur le génome de manière groupée, sur le même brin d'ADN ou sur les deux brins. Les rasiARNs font partie des piARNs et sont issus de la transcription d'éléments répétés. Leur rôle consiste à réprimer l'expression des éléments transposables afin d'assurer le maintien de l'intégrité du génome. La genèse des rasiARN ne requiert pas l'enzyme DICER, nucléase requise pour la synthèse d'autres ARNs non codants de type micro ou siARN à partir d'un précurseur ARN double brin. Chez la drosophile et chez la levure, les rasiARNs guident la formation d'hétérochromatine. Les mutants de drosophile affectés dans la voie de synthèse des rasiARNs présentent un taux élevé d'événements de transposition. Chez ce type de mutants de drosophile, la diminution de la quantité de rasiARNs s'accompagne de l'augmentation de la marque euchromatique de type diméthylation de la lysine 4 de l'histone H3 et de la diminution de la marque hétérochromatique (diméthylation de la lysine 9 de l'histone H3) au niveau de la chromatine des transposons.

Nous décrivons des rasiARNs isolés chez *Spodoptera frugiperda*, dont les séquences, de 36 ou 33 nucléotides de long, peuvent s'organiser en deux groupes, homologues au même brin d'un rétrotransposon de 1443 nucléotides de long. Ce rétrotransposon est très spécifique de *S. frugiperda* et n'est pas retrouvé dans des espèces proches. Ces rasiARNs sont qualitativement différenciellement exprimés au cours du développement de l'insecte et l'expression du rétrotransposon est également dépendante du stade de développement. Ce rétrotransposon se retrouve fréquemment dans le génome de *S. frugiperda* (en moyenne une fois tous les 250 kb dans le 1% de génome actuellement séquencé). Par ailleurs nous avons analysé dans ces mêmes régions génomiques la distribution des marques hétérochromatiniennes par qPCR sur l'ADN obtenu par immuno-précipitation de la chromatine. Nous observons que les sites d'insertion des rasiARNs colocalisent avec des zones présentant des marques hétérochromatiques aux mêmes stades de développement, suggérant leur rôle dans l'expression différentielle du génome. Des expériences sont en cours pour valider le rôle des rasiRNAs *in vivo*.

P.26 Analyse génomique de la fonction de transport dans le système symbiotique du puceron du pois *Acyrtosiphon pisum*

N. Parisot¹, K. Gaget¹, S. Colella^{1,2}, A. Rabatel¹, F. Calevro^{1,2}, G. Duport¹, G. Febvay^{1,2}, T. Gabaldon³, H. Charles^{1,2}, Y. Rahbé^{1,2}

Yvan.Rahbe@lyon.inra.fr

¹UMR203 BF2I, Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INRA, INSA-Lyon, Université de Lyon, F-69621 VILLEURBANNE – ²BAMBOO, INRIA Rhône-Alpes – ³CRG, Centro de Regulacion Genomica, E-08003 BARCELONA Catalunya, SPAIN

Les pucerons sont des insectes symbiotiques dont les bactéries intracellulaires obligatoires (*Buchnera aphidicola*) sont logées dans des vésicules individuelles (symbiosomes) au sein de cellules spécialisées (bactériocytes). Comme dans tous les systèmes symbiotiques trophiques, la fonction d'échange entre les deux partenaires est cruciale. Contrairement aux symbioses organellogénétiques (mitochondries, chloroplastes, apicoplastes...), il n'y pas eu d'épisode de transfert génétique massif entre le symbiote bactérien et son hôte eucaryote.

L'analyse systématique des gènes et complexes moléculaires du transport membranaire de *Buchnera* montre que, si cette fonction constitue une part importante du génome codant de cette bactérie (13% des gènes de *Buchnera* sont associés à la fonction de transport), le nombre de systèmes de transport reste extrêmement réduit (32 complexes protéiques transporteurs contre 383 chez *E. coli*). Aucun transporteur moléculaire bactérien spécifique des acides aminés n'a pu être identifié clairement chez *Buchnera*, alors que la fonction d'échange des acides aminés est centrale dans la physiologie de cette symbiose.

Une grande partie de la fonction de transport doit donc être logiquement portée par le génome eucaryote hôte, et nous avons analysé le transportome du puceron du pois à l'aide de plusieurs outils génomiques (TransAAP, TransportTP, PhylomeDB). Dans un premier temps, cette étude est réalisée comparativement à celui d'une douzaine d'autres insectes (analysés pour la première fois, y compris pour la Drosophile). Les génomes d'insectes contiennent de 600 à 1000 cds de transporteurs, classifiés selon TCDB (Transporter Classification Database), représentant de 4.4% à 7% du protéome d'un insecte moyen. Le puceron se classe significativement en queue de ce lot avec moins de 3% de transporteurs, et seule *Nasonia vitripennis* le rejoint dans cette classe. Quatre familles de transporteurs sont significativement surreprésentées chez *A. pisum* par rapport à un insecte moyen, dont une grande famille (>100) des MFS^a, une famille moyenne (20 ≤ n ≤ 100) des APC, et deux petites familles POT et RFC. Cela représente un surinvestissement évolutif spécifique dans des familles transportant majoritairement des sucres et acides aminés (MFS et APC), des oligopeptides (POT) et deux systèmes vitaminiques (folate et thiamine), qu'il est intéressant de relier à la niche trophique strictement phloémophage des pucerons.

Nous avons ensuite réalisé une analyse structurale du transportome du puceron du pois afin d'en spécifier les particularités d'adressage subcellulaire, dans le contexte de la compartimentation symbiosomale de la cellule bactériocytaire. Aucune particularité globale du peptide signal d'adressage de sécrétion n'est mise en évidence par rapport aux autres insectes, mais des analyses de motifs et de spécificité phylogénétique identifient quelques familles particulières de transporteurs.

Enfin, une analyse fonctionnelle et évolutive de ce transportome permet d'extraire des familles candidates pour la gestion de la fonction symbiotique et de souligner la particularité de certaines familles multigéniques du métabolisme central (déficient chez *Buchnera*).

^a: abrégations TCDB des familles, MFS (the Major Facilitator Superfamily), APC (The Amino Acid-Polyamine-Organocation Family), POT (the Proton-dependent Oligopeptide Transporter Family), RFC (the Reduced Folate Carrier Family).

P.27 Plant-insect co-evolution: adaptation of Lepidoptera to *Poaceae*

L. Dutartre, P. Audant-Lacour, F. Hilliou, R. Feyereisen

leslie.dutartre@sophia.inra.fr

INRA-CNRS-UNS, 400 route des Chappes, BP167, F-06903 SOPHIA-ANTIPOLIS Cedex

The process of co-evolution between plants and their natural enemies, from viruses to mammals, is widely believed to have generated much of the Earth's biological diversity. In this co-evolutionary process, the plant has evolved sophisticated mechanisms to detect and fend off its natural enemies. Among those plant defenses, are many thousands of natural products or secondary chemicals, some of them toxic. In turn, the herbivores have developed mechanisms to metabolically inactivate some of the potentially toxic compounds that they ingest. The large family of cytochrome P450 enzymes plays an important role in both aspects of co-evolution.

We are interested in the interactions between the chemistry of the plant (*Zea mays*) and a phytophagous insect (*Spodoptera frugiperda*).

We are focusing on the biosynthetic pathway to DIMBOA-Glc, a benzoxazinoid reported to be a protective and allelopathic metabolite in maize. Its synthesis involves 9 different enzymes, starting from indole-3-glycerol phosphate hydrolysis. Four are P450 proteins included in the same subfamily (CYP71C). The associated genes (*Bx2* to *5*) are clustered on the short arm of chromosome 4, implying a common evolutionary origin.

Our first work hypothesis is that this *Bx* cluster comes from successive duplications of one ancestral gene. The second one is that insects feeding on these plants should be better adapted to the old compounds (at the beginning of the pathway) than to the more recent ones (at the end of the pathway, DIMBOA).

First, we studied the phylogeny of *Bx* genes. This work validates the first hypothesis. We document the sequence of 3 successive duplications from the *Bx2* ancestral gene leading to the current cluster, and predict the catalytic competence of each ancestor.

Secondly, we characterized mutated plants for DIMBOA biosynthetic pathway (*Bx1* and *Bx3* mutants). Based on transcriptomic (RTqPCR) and metabolomic (LCMS) results, these two mutants could be further used to simulate ancestral evolutionary steps of the pathway.

Finally, we tested the toxic effect of biosynthetic intermediates of the DIMBOA pathway on *S. frugiperda* larvae. These tests show that the non-enzymatic degradation products of the hydroxamic acids that are generated in the very alkaline midgut are the least toxic compounds.

P.28 Dynamique évolutive des communautés de flagellés chez les termites du genre *Reticulitermes*

S. Guyot, L. Genty, S. Dupont, F. Dedeine

sylvain.guyot@univ-tours.fr

Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (UMR CNRS 6035), Université de Tours, Faculté des Sciences François Rabelais, Parc de Grandmont, F-37200 TOURS

Les termites (Isoptères) possèdent dans leur intestin postérieur de nombreux microorganismes symbiotiques parmi lesquels plusieurs lignées de protozoaires flagellés (Parabasaliens, Oxymonades) et de procaryotes (Eubactéries, Archéobactéries). Il est aujourd'hui admis que ces microorganismes non cultivables sont essentiels à la dégradation de la lignocellulose, bien que le rôle respectif de chaque symbiote reste à ce jour inconnu. En plus d'être complexes, les symbioses intestinales des termites sont extrêmement variables. Le nombre et l'identité des espèces de protozoaires présentent d'importantes variations entre les familles de termites ainsi qu'entre les genres d'une même famille. Ces données suggèrent fortement qu'au cours de leur évolution, les termites perdent régulièrement des espèces de flagellés et en acquièrent de nouvelles. Notre étude, en se focalisant sur l'étude des communautés de flagellés chez les termites du genre *Reticulitermes* (Rhinotermitidae), vise à répondre à deux questions : (i) Est-il possible d'observer des événements d'acquisitions et de pertes de flagellés en étudiant des espèces appartenant au même genre ? (ii) Quels sont les mécanismes responsables de l'acquisition des nouvelles espèces de flagellés par un hôte ?

La première partie de cette étude consiste à étudier l'histoire évolutive des associations entre les flagellés du genre *Pyrrsonympha* (Oxymonades) et leurs hôtes *Reticulitermes* par une approche de phylogénie moléculaire. Les séquences de la petite sous unité ribosomale de l'ARNs 18S (~1800pb) des *Pyrrsonympha* révèle une grande diversité de phylotypes au sein et entre les espèces hôtes. De plus, l'arbre phylogénétique obtenu des *Pyrrsonympha* suggère que l'histoire évolutive des associations *Pyrrsonympha-Reticulitermes* est complexe, se caractérisant à la fois par des événements de co-cladogénèse, des transferts horizontaux et des pertes symbiotiques.

La seconde partie de cette étude vise à tester expérimentalement l'hypothèse selon laquelle l'acquisition d'un nouveau flagellé peut se faire par transfert direct entre espèces hôtes. Pour cela, une première série d'expériences consiste à mettre en contact des *Reticulitermes* possédant ou non des flagellés (éliminés par choc thermique ou d'oxygène) et appartenant à deux espèces distinctes *R. grassei* et *R. flavipes*. Les résultats montrent que le transfert de plusieurs espèces (voir la totalité) de flagellés est possible. Cependant, ce protocole n'a pas permis de préciser si les transferts s'effectuent par « entomophagie » ou par d'autres types de contact (trophallaxie ?). D'autre part, il est important de noter que les colonies « transfaunées » ne se maintiennent pas, les individus subissant une importante mortalité. De manière intéressante, une seconde série d'expériences a permis de montrer que des transferts pouvaient avoir lieu même si les individus des deux espèces possèdent leur propre faune (aucun traitement de défaunage).

En conclusion, cette étude montre que même à une échelle évolutive restreinte (le genre *Reticulitermes*), les associations termites-flagellés ne sont évolutivement pas stables et se caractérisent par une dynamique d'acquisitions et de pertes de flagellés. Nos expériences de laboratoire suggèrent que le contact direct entre des termites pourrait expliquer comment les espèces hôtes peuvent acquérir de nouvelles espèces de flagellés.

P.30 Virulence de la bactérie phytopathogène *Dickeya dadantii* contre le puceron du pois *Acyrtosiphon pisum* : analyse de l'expression des toxines insecticides Cyt et suivi histologique de l'infection bactérienne

D. Costechareyre², S. Balmand², B. Dridi³, Y. Rahbé², G. Condemine¹

denis.ecomicro@gmail.com

¹ Université de Lyon, F-69003, France; Université Lyon 1, F-69622; INSA-Lyon, F-69621 VILLEURBANNE ; CNRS, UMR5240, Microbiologie Adaptation et Pathogénie, F-69622 VILLEURBANNE – ² Université de Lyon, Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, UMR203 BF2I INRA INSA-Lyon, F-69621 VILLEURBANNE – ³ Laboratoire de Microbiologie Clinique, CHU de la Timone, F-13385 MARSEILLE Cedex 5

L'entérobactérie *Dickeya dadantii* (*Erwinia chrysanthemi*) est l'agent responsable de la pourriture molle de nombreuses variétés de plantes d'intérêt agronomique. Sa phytovirulence résulte de la synthèse puis la sécrétion d'un ensemble d'enzymes dégradatives. De façon étonnante, le séquençage de son génome a permis d'identifier 4 gènes codant des homologues aux toxines insecticides de la famille Cyt de *Bacillus thuringiensis*. La toxicité de cette bactérie a été testée sur différents insectes et a révélé une virulence élevée et spécifique contre le puceron du pois *Acyrtosiphon pisum*.

Un mutant avec les 4 gènes *cyt* supprimés se révèle beaucoup moins virulent que la souche sauvage. Afin de comprendre le rôle de ces 4 cytotoxines dans l'écologie de la bactérie nous avons déterminé comment ces gènes sont régulés. Ces 4 gènes forment un opéron dont l'expression est régulée par la température et l'osmolarité. Les régulateurs transcriptionnels globaux HNS et VfmE répriment fortement l'expression des toxines alors qu'ils activent l'expression des gènes codant des pectates lyases, acteurs majeurs de la phytovirulence. A l'inverse, le répresseur des pectinases PecS active l'expression de l'opéron *cyt*. La virulence sur plante et sur le puceron implique donc des facteurs transcriptionnels communs ayant une action différentielle sur leurs cibles. La modulation des gènes de virulence est mise en parallèle avec les changements de facteurs environnementaux dans la plante et dans le tube digestif du puceron.

En complément, la progression de l'infection bactérienne dans le puceron au cours du temps a été observée par immunohistologie avec l'utilisation d'anticorps spécifiques : l'Ac anti-porine KdgM et l'Ac anti-toxine CytC. Cette étude a permis de suivre la colonisation anatomique et intra-cellulaire par *D. dadantii* en parallèle avec l'expression *in situ* des toxines Cyt.

P.31 Potentiel d'utilisation des Densovirinae en lutte biologique

C. Multeau, P. Fournier, M. Ogliastro

cecilia.multeau@supagro.inra.fr

Unité de Biologie Intégrative et Virologie des Insectes, UMR 1231 INRA - Université Montpellier II, Place Eugène Bataillon, Bât. 24, cc101, F-34095 MONTPELLIER Cedex 5

Les Densovirinae appartiennent à la famille des Parvoviridae (Vago et al., 1964). Ils n'infectent que les invertébrés et ont été isolés au cours d'épizooties dans des populations de Lépidoptères puis dans d'autres ordres d'insectes tels que les Hémiptères, les Orthoptères et les Diptères. Peu d'études ont été menées sur l'étendue du spectre d'hôte de ces virus. Il existe cependant des Densovirinae « spécialistes » qui ont un spectre d'hôte restreint à une seule espèce d'insecte et des « généralistes », virulents pour plusieurs espèces.

Nous proposons d'étudier l'utilisation des Densovirinae comme nouvelle ressource virale en lutte biologique. L'utilisation d'un micro-organisme en lutte biologique implique qu'il soit infectieux par ingestion et létal pour les stades larvaires d'insectes « nuisibles ». Nous avons ainsi caractérisé le spectre d'hôte et la pathogénèse d'un Densovirinae « généraliste » modèle, *Junonia coenia Densovirus* (JcDENV, Dumas et al., 1992) sur des lépidoptères ravageurs de culture.

Sur quatre espèces de noctuelles infectées par ingestion aux premiers stades larvaires (*Spodoptera littoralis*, *Spodoptera frugiperda*, *Lymantria dispar* et *Mamestra brassicae*), toutes sont sensibles à l'infection mais à des doses létales variables selon l'espèce. Le passage d'un stade à l'autre est apparu comme une phase critique de la pathogénèse puisque la majorité des larves sont mortes en cours de mue. Pour les autres familles de lépidoptères testées, une faible mortalité a été observée chez un *Ditrysia*, le micro-lépidoptère *Tuta absoluta*, et aucun effet n'a pu être observé lors de l'infection de Pyraloidea (*Ostrinia nubilalis*, *Ephesia kuehniella*, et *Galleria melonella*).

P.32 Le bactériome larvaire de *Sitophilus* : une réponse immunitaire taillée pour le symbiote

A. Vigneron¹, D. Charif², A. Vallier¹, C. Vincent-Monégat¹, A. Heddi¹

aurelien.vigneron@insa-lyon.fr

¹ Université de Lyon , INRA, INSA Lyon, IFR41, UMR203, Laboratoire de Biologie Fonctionnelle, Insectes et Interactions, F-69621 VILLEURBANNE – ² Université de Lyon, Université Lyon 1, CNRS, UMR 5558, Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive, F-69622 VILLEURBANNE

Les charançons des céréales du genre *Sitophilus* vivent en symbiose intracellulaire avec une bactérie à Gram négatif : *Sitophilus* Primary Endosymbiont (SPE). Celle-ci est localisée dans le bactériome, organe composé de cellules spécialisées, les bactériocytes. Les analyses comparatives des profils d'expression des gènes de la réponse immunitaire entre le bactériome et une larve injectée par des bactéries à Gram négatif (dont SPE) ont montré que le bactériome possède une réponse immunitaire modulée vis-à-vis du symbiote (Anselme *et al.* 2008) : alors que tous les peptides antimicrobiens, les lysozymes et le gène *wpgp1* sont induits à la suite de l'injection de bactéries dans l'hémolymphe de la larve, seulement trois gènes, *wpgp1*, *toll ip* et la *coleopteracin A*, semblent être surexprimés dans le bactériome.

Dans le cadre d'un projet de séquençage de banques d'ESTs du charançon *Sitophilus* (Génoscope), nous avons obtenu 30 000 séquences d'ESTs. Ces séquences proviennent du transcriptome des organes symbiotiques avec et sans leur symbiote obtenus par des expériences de soustractions (SSH) entre ces organes, des SSH entre individus infectés ou non avec un pathogène intracellulaire à Gram négatif (i.e. *Salmonella*) et d'une banque normalisée.

L'analyse de ces banques a permis de compléter les voies de la réponse immunitaire de *Sitophilus*, ainsi que de poursuivre l'analyse du transcriptome du bactériome larvaire. En conséquence, nous avons pu mettre en évidence, par des expériences de RT-PCR quantitative, de nouveaux gènes, comme *iap2* ou *imd*, dont l'expression particulière dans l'organe symbiotique soulève plusieurs questions sur les modes de régulation cellulaire (apoptose, stress, prolifération) et immunitaire de la symbiose. Les résultats obtenus étayent le réseau d'interaction des gènes potentiellement impliqués dans ces régulations bactériomiques, et aident à traduire le dialogue moléculaire établi entre l'hôte et son symbiote.

- Anselme *et al.*, (2008) *BMC Biol.* 6:43

P.33 Efficient internalization of *Spiroplasma citri* into the Ciha-1 leafhopper cells requires both spiralin and plasmid-encoded determinants

S. Duret¹, B. Batailler^{1,2}, L. Béven¹, J. Renaudin¹, N. Arricau-Bouvery¹

nbouvery@bordeaux.inra.fr

¹ INRA - Université de Bordeaux 2, UMR 1090, Centre de Bordeaux-Aquitaine, F-33883 VILLENAVE D'ORNON –

² Bordeaux Imaging Center, Pôle Imagerie du Végétal, INRA, Centre de Bordeaux-Aquitaine, F-33883 VILLENAVE D'ORNON

Cellular models have been extensively used to decipher the mechanisms of cell invasion by a wide variety of pathogens, including mollicutes. *S. citri* is a plant pathogenic mollicute that is transmitted by the leafhopper vector *Circulifer haematoceps*. Successful transmission relies on the ability of the spiroplasmas to cross the gut epithelium and salivary gland barriers through specific interactions of surface proteins and the insect cells. To study these interactions at the cellular and molecular levels, a leafhopper cell line, named Ciha-1, was established using embryonic tissues from the eggs of the *S. citri* natural vector *C. haematoceps*. The Ciha-1 cell line consists of a large majority (more than 90 %) of cells with a single epithelial-type morphology and was successfully infected by the insect-transmissible strain *S. citri* GII3. Adherence of the spiroplasmas to the cultured Ciha-1 cells was studied by CFU counts and by electron microscopy. Entry of the spiroplasmas into the insect cells was analyzed quantitatively by gentamycin protection assays and qualitatively by double immunofluorescence microscopy. Spiroplasmas were detected within the cell cytoplasm as early as one hour after inoculation and survived at least 2 days inside the cells. Comparing the insect-transmissible (GII3) and non insect-transmissible (44) strains of *S. citri* revealed that adherence to and entry into Ciha-1 cells of *S. citri* 44 were significantly less efficient than those of *S. citri* GII3. *S. citri* mutants GII3-9a3 lacking spiralin (the major membrane protein) and G/6 lacking plasmids pSci1 to 5 that encode adhesin related proteins were both affected in their ability to enter into the Ciha-1 cells. In addition the morphological changes of spiroplasmas that have been described *in vivo* in the leafhoppers by electron microscopy in *S. citri* infected leafhoppers were also found to occur *ex vivo*, upon infection of Ciha-1 cells.

P.34 Transcriptomic analysis of intestinal genes following acquisition of pea enation mosaic virus by the pea aphid *Acyrtosiphon pisum*

C. Reinbold¹, S. Tanguy², D. Tagu², V. Brault¹

catherine.reinbold@colmar.inra.fr

¹ INRA, UMR 1131 SVQV, 28 rue de Herrlisheim, F-68021 COLMAR – ² INRA, UMR 1099 BiO3P, Domaine de la Motte, F-35653 LE RHEU

Viruses in the *Luteoviridae* family are strictly transmitted by aphids in a non-propagative circulative and persistent mode. Virions ingested by aphids, successively cross the gut and the accessory salivary gland epithelia before being released, together with saliva, in the plant vasculature. Virions transport through aphid cells occurs by a transcytosis mechanism. We conducted a transcriptomic analysis of intestinal genes of the pea aphid *Acyrtosiphon pisum* following uptake of *Pea enation mosaic virus-1* (a member of the *Luteoviridae* family). Among the 7166 transcripts analysed, 128 were significantly regulated (105 genes down-regulated and 23 up-regulated). 5% of the identified genes were involved in intracellular trafficking, endocytosis and signal transduction, three important steps in the internalization and transport of virions. The limited levels of down- (maximum of 3.45 fold) and up-regulation (maximum of 1.37 fold) suggest that the virus hijacks a constitutive endocytosis-exocytosis mechanism without heavily perturbing cell metabolism. Although limited to about 20% of the pea aphid genes, this work represents the first large scale analysis of aphid gene regulation following virus acquisition.

- Brault et al. (2010) *J. Gen. Virol.* 91, 802-808

P.35 Specific immuno-epidemiological biomarkers of exposure to *Ae. albopictus* and *Ae. aegypti* bites

S. Doucouré¹, F. Mouchet¹, S. Cornélie¹, F. Favier², F. Gasque³, J-S. DeHecq⁴, Y. Roca⁵, A. Walter¹, J-P. Herve¹, D. Misse⁶, F. Remoue¹

souleymane.doucoure@ird.fr

¹ Institut de Recherche pour le Développement (IRD) UR016, MONTPELLIER – ² CIC-EC La Réunion – ³ LBGM-GRII Université de La Réunion – ⁴ DRASS La Réunion – ⁵ Centro Nacional de Enfermedades Tropicales, SANTA CRUZ, BOLIVIA – ⁶ Institut de Recherche pour le Développement (IRD) UMR GEMI, MONTPELLIER

Aedes mosquitoes are among the main vectors of mosquito borne diseases. Both *Aedes* mosquitoes and the mosquito borne diseases that they transmit are currently expanding geographically. This situation stresses the need for accurate monitoring of these vectors populations.

We aim to develop new methods to evaluate Human/Vector contact by immuno-epidemiological tools complementary to entomological methods.

Specifically our aim is to evaluate human IgG responses to *Aedes albopictus* (La Réunion) and *Aedes aegypti* (Bolivia) salivary proteins, to give insights on the population exposed to *Aedes* bites.

Our results indicate that assessing human IgG anti *Aedes* whole salivary proteins by ELISA can be used to detect individual exposure to vector bites and can therefore help to evaluate the risk of pathogen transmission. We observe no systematic IgG cross reaction between *Ae. albopictus* and *Ae. aegypti* salivary proteins.

Western blot experiments also reveal different patterns of immunogenic salivary proteins between these two vectors: we find not only common immunogenic salivary proteins to *Aedes* genera, but also specific immunogenic proteins to *Ae. albopictus* and *Ae. aegypti*.

In addition, these characteristics may be used to discriminate exposure to *Aedes* vectors and furthermore to develop specific biomarkers of exposure to *Ae. albopictus* and *Ae. aegypti* bites.

Characterization of specific immunogenic salivary proteins of *Ae. albopictus* and *Ae. aegypti* is under investigation.

Such biomarkers, specific to *Ae. aegypti* and *Ae. albopictus* bites, could be used for monitoring emerging *Aedes* borne diseases and to evaluate efficacy of vector control programs.

P.36 Le comportement des pucerons : un marqueur de l'évaluation du risque épidémiologique d'un phytovirus ?

S. Boquel, P. Giordanengo, A. Ameline

sebastien.boquel@u-picardie.fr
Université de Picardie Jules Verne, Biologie des Plantes et contrôle des Insectes ravageurs (UPRES EA-3900), 33 rue St Leu, F-80039 Amiens Cedex

Le virus Y de la pomme de terre (PVY) transmis par les pucerons sur le mode non-persistant est susceptible d'infecter de nombreuses espèces végétales. Un diagnostic conduit en 2006 en région Picardie a montré que 80 à 90% des pucerons piégés dans les parcelles de pomme de terre correspondent à des espèces de pucerons non inféodées à la pomme de terre. Il s'agit de pucerons des céréales, des crucifères et des légumineuses reflétant le type de culture avoisinant celle de la pomme de terre.

L'efficacité de transmission du PVY dépend essentiellement des premiers événements comportementaux impliqués dans le processus de sélection de la plante hôte notamment lors de l'évaluation de la plante (brèves piqûres intracellulaires) et de la capacité des pucerons à effectuer des mouvements interplantes. Dans ce contexte nous avons étudié le comportement de sélection de la plante hôte chez deux espèces pouvant coloniser la pomme de terre (*Myzus persicae*, *Macrosiphum euphorbiae*), deux espèces de puceron des céréales (*Sitobion avenae* et *Rhopalosiphum padi*), sur le puceron du pois *Acyrtosiphon pisum*, sur le puceron noir de la fève *Aphis fabae* et sur le puceron du chou *Brevicoryne brassicae*. Un test de choix a été développé pour évaluer la capacité des pucerons à effectuer des mouvements interplantes et à réaliser des piqûres. Les résultats montrent que toutes les espèces de pucerons étudiées sont capables d'initier le processus de colonisation d'une plante mais que seules les espèces non inféodées à la pomme de terre stoppent ce processus et effectuent des mouvements interplantes . La technique de l'EPG a été utilisée pour étudier le comportement de piqûre sur plantes de pomme de terre. Si seules les espèces colonisatrices de la pomme de terre s'alimentent aux dépens de la sève phloémienne, toutes réalisent les piqûres intracellulaires nécessaires à la transmission du PVY.

L'utilisation de l'approche comportementale pour caractériser les potentialités de vection des phytovirus par les pucerons est discutée.

P.37 Interactions phéromone – odeur végétale et locomotion chez le charançon rouge du palmier : quelle synergie ?

D. Schmidt-Buesser, P. Couzi, B. Lherminier, A. Donini, M. Renou, D. Rochat

didier.rochat@versailles.inra.fr

UMR1272 INRA-UPMC, « Physiologie de l'insecte : Signalisation et Communication », Route de Saint-Cyr, F-78026 VERSAILLES Cedex

Les insectes phytophages holométaboles qui utilisent la même ressource aux stades adulte et larvaire optimisent la rencontre des partenaires sexuels au niveau de cette ressource. Le plus souvent ils s'y retrouvent activement en réponse synergique à la perception de combinaisons particulières d'odeurs : phéromones d'insecte et odeurs de plante. L'orientation vers ces odeurs combinées repose sur des mécanismes sensoriels complexes. Dans le cas d'espèces nuisibles, l'emploi d'odeurs adéquates permet de piéger les individus pour le contrôle des populations. Ainsi l'usage de phéromone d'agrégation, d'odeur de palmier et d'acétate d'éthyle (EtAc) permet de capturer le charançon rouge du palmier, invasif du bassin méditerranéen. Mais l'efficacité des appâts odorants est variable et diffère selon le sexe. L'EtAc et l'odeur de palmier ne permettent pas des captures équivalentes et une part des individus ciblés n'atteint pas les sources odorantes mais au contraire contamine les palmiers proches ! Pour améliorer l'efficacité pratique de ces odeurs nous avons entrepris de caractériser avec précision leurs effets locomoteurs sur les individus et de comprendre sur quoi repose la synergie décrite à partir de comptage dans des pièges.

Nous avons mis au point un simulateur de marche qui permet d'enregistrer et de comparer la réponse locomotrice des individus aux odeurs. Les réponses d'individus vierges à la phéromone, à l'odeur naturelle de palmier, à l'EtAc et à leurs combinaisons ont été établies et comparées. Nous avons aussi déterminé à partir de successions de stimulations odorantes si la perception d'une première odeur modifiait la réponse locomotrice à une seconde.

Dans nos conditions et aux doses évaluées, nous démontrons que la phéromone est attractive pour les deux sexes (1 à 4 m / min). La réponse des mâles est moins intense que celle des femelles. L'EtAc n'a pas d'effet sur la locomotion. L'odeur de palmier déclenche au contraire un arrêt temporaire (10-15 sec) du déplacement mais ne focalise pas le déplacement des femelles quand celles-ci reprennent leur mouvement alors que les mâles s'orientent vers l'odeur après arrêt. La réponse au mélange de phéromone avec l'odeur de palmier ou l'EtAc est synergique chez le mâle mais avec une focalisation moindre vers les sources et une latence un peu plus longue pour l'EtAc que l'odeur de palmier. Chez la femelle, on ne note pas de différence d'effet entre la phéromone seule et les mélanges avec odeur végétale.

Enfin la perception et la réponse locomotrice d'une première odeur pendant 1 min ne modifie pas la réponse à une seconde odeur ou à un mélange quelles que soient les configurations évaluées.

P.38 Comment les cicadelles du genre *Erythroneura* s'alimentent-elles ?

J. Saguez¹, C. Vincent¹, C. Olivier², P. Giordanengo³

julien.saguez@agr.gc.ca, philippe.giordanengo@u-picardie.fr

¹Agriculture et Agroalimentaire Canada, Centre de Recherche et Développement en Horticulture, 430 Boulevard Gouin, SAINT-JEAN-SUR-RICHELIEU, Qc, J3B 3E6 CANADA – ²Agriculture et Agroalimentaire Canada, Centre de Recherche de Saskatoon, 107, Place des Sciences, SASKATOON, SK, S7N 0X2 CANADA – ³Université de Picardie Jules Verne, Faculté des Sciences, Biologie des Plantes et Contrôle des Insectes Ravageurs, 33 Rue St Leu, F-80039 AMIENS cedex 1

Les cicadelles du genre *Erythroneura* sont parmi les plus nombreuses en vignobles canadiens. Entre 2006 et 2008, ces espèces ont été détectées positives aux phytoplasmes de l'Aster Yellow. Elles sont donc potentiellement vectrices des maladies à phytoplasmes sur vigne. Afin de comprendre les mécanismes d'acquisition et de transmission, nous avons étudié le comportement de prise alimentaire des cicadelles par la technique de l'électropénétrographie et nous avons également effectué des études histologiques afin de confirmer les sites de piqûres dans les feuilles.

Les résultats montrent que les espèces du genre *Erythroneura* consomment essentiellement du mésophylle, mais ne s'alimentent pas de sève phloémienne dans laquelle se développent majoritairement les phytoplasmes. Les phytoplasmes détectés chez ces espèces sont donc probablement d'origine mésophyllienne. Cela pourrait signifier un faible rôle de vvection des cicadelles du genre *Erythroneura* dans les processus épidémiologiques des maladies à phytoplasmes chez la vigne, comparé à celui d'espèces phloémiennes.

P.39 Caractérisation de l'activité de construction du termite *Procornitermes araujoï*

D. Fouquet¹, N. Hurard¹, A-M. Costa Leonardo², C. Jost¹

dianefouquet@live.fr, jost@cict.fr

¹ Centre de Recherches sur la Cognition Animale, CNRS/UMR 5169, Bât 4R3, Université Paul Sabatier, 18 route de Narbonne, F-31062 TOULOUSE cedex 09 – ² Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho, Instituto de Biociências de Rio Claro, Ave 24A, N°1515, Bela Vista, 13506900, RIO CLARO, BRÉSIL

Le termite humivore *Procornitermes araujoï* vit dans le Cerrado brésilien dans un nid partiellement épigé et construit avec du sol (ferralsol, très argileux et de couleur rouge). Les parois de ce nid sont relativement friables et peuvent être percées par des prédateurs tel que les oiseaux (qui ouvrent ainsi aussi l'accès aux fourmis prédatrices). La réparation de ces brèches se fait immédiatement et est facilement observable au laboratoire. Nous nous intéressons aux mécanismes comportementaux impliqués dans cette activité de construction rapide de *P. araujoï* lorsqu'ils se trouvent soudainement sans abri. Dans une première partie, nous développons des descripteurs quantitatifs de la dynamique spatio-temporelle de cette reconstruction à partir d'un état homogène. On observe la formation de carrières (creusement) et de piliers et murs (dépôt). Dans une seconde partie, nous étudions les règles comportementales impliquées dans la manipulation des boulettes d'argile (prise, transport et dépôt) et identifions les mécanismes stigmergiques qui coordonnent le travail constructeur des ouvriers. Nous montrons qu'il y a une division du travail et que prise et dépôt sont influencés par l'activité ayant eu lieu par le passé dans un endroit donné.

Comité scientifique

- **Jérôme Casas** (*Université François Rabelais Tours, Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Tours*)
- **Jean-Michel Drezen** (*CNRS, Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Tours*)
- **Dominique Ferrandon** (*CNRS, Réponse immunitaire et développement chez les Insectes, Strasbourg*)
- **Frédéric Fleury** (*Université Claude Bernard Lyon 1, Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive, Villeurbanne*)
- **Vincent Fourcassié** (*CNRS, Centre de Recherches sur la Cognition Animale, Toulouse*)
- **Philippe Giordanengo** (*Université de Picardie Jules Verne, Biologie des Plantes et Contrôle des Insectes ravageurs, Amiens*)
- **Philippe Grandcolas** (*CNRS, Origine Structure et Évolution de la Biodiversité, Paris*)
- **Thomas Guillemaud** (*INRA, Interactions Biotiques et Santé Végétale, Sophia-Antipolis*)
- **Éric Haubruge** (*Université de Liège, Entomologie Fonctionnelle et Évolutive, Gembloux, Belgique*)
- **Emmanuelle Jacquin-Joly** (*INRA, Physiologie de l'Insecte : Signalisation et Communication, Versailles*)
- **Marylène Poirié** (*Université Nice Sophia-Antipolis, Interactions Biotiques et Santé Végétale, Sophia-Antipolis*)
- **Yvan Rahbé** (*INRA, Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, Villeurbanne*)
- **Denis Tagu** (*INRA, Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes, Le Rheu*)
- **Nathalie Volkoff** (*INRA, Biologie Intégrative et Virologie des Insectes, Montpellier*)

Comité d'organisation

Le colloque est organisé par les différentes équipes de recherche de Lyon travaillant sur l'Insecte :

UMR 0203 - Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions (BF2I)

- *Symbiose : Signalisations immunitaires*
- *Symbiose : Génomique fonctionnelle des interactions trophiques*
- *Entomotoxines*
- *Biodiversité des auxiliaires de Lutte Biologique*

UMR 0754 - Rétrovirus et Pathologie Comparée (RPC)

- *Infection et Rétrovirus Endogènes*

UMR 5023 - Laboratoire d'Écologie des Hydrosystèmes Fluviaux (LEHF)

- *Biodiversité des écosystèmes Lotiques*
- *Écologie, Comportement, Conservation*

UMR 5239 Laboratoire de Biologie Moléculaire de la Cellule (LBMC)

- *Apoptose et Neurogénétique*

UMR 5534 - Centre de Génétique Moléculaire et Cellulaire (CGMC)

- *Régulation Génique, Développement et Ciliogenèse*

UMR 5557 - Écologie Microbienne (EcoMic)

- *Dynamique Microbienne et Transmission Virale*

UMR 5558 - Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive (LBBE)

- *Éléments transposables, Évolution, Populations*
- *Génétique et Évolution des interactions Hôtes-Parasites*
- *Baobab*
- *Écologie du Comportement et Dynamique des populations*
- *Écologie évolutive et Biologie des populations d'insectes*

Le comité d'organisation est composé d'un représentant de chacune de ces équipes :

- Carole Vincent-Monégat, Stefano Colella, Pedro da Silva, Bernard Pintureau (*UMR 0203 BF2I*)
- Christophe Terzian (*UMR 0754 RPC*)
- Sylvain Doledéc, Nathalie Mondy (*UMR 5023 LEHF*)
- Bertrand Mollereau (*UMR 5239 LBMC*)
- Bénédicte Durand (*UMR 5534 CGMC*)
- Patrick Mavingui (*UMR 5557 EcoMic*)
- Christina Vieira-Heddi, Fabrice Vavre, Marie-France Sagot, Emmanuel Desouhant, Frédéric Menu (*UMR 5558 LBBE*)
- Gérard Febvay et Yvan Rahbé (*coordination*) ; Marina Vergès (*secrétariat*) (*UMR 0203 BF2I*)

Liste des participants

(par ordre alphabétique)



Lyon 18-20 octobre 2010



- **AIT-AHMED Ounissa**, CNRS, MONTPELLIER
Institut de Génétique Humaine, CNRS, 141 rue de la Cardonille, 34396 MONTPELLIER Cedex 5
(*Ounissa.Ait-Ahmed@igh.cnrs.fr* - tél. : 0684787110)
- **ALGAZEERY Ahmed**, CNRS, MONTPELLIER
Institut de Génétique Humaine, CNRS, 141 rue de la Cardonille, 34396 MONTPELLIER Cedex 5
(*Ahmed.Algazeery@igh.cnrs.fr* - tél. : 0499619912)
- **ALLEMAND Roland**, CNRS, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre
1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*roland.allemand@univ-lyon1.fr* - tél. : 0472432913)
- **AMELINE Arnaud**, Université de Picardie, AMIENS
Biologie des Plantes et Contrôle des Insectes ravageurs, Université de Picardie Jules Verne, 33 rue Saint
Leu, 80039 AMIENS Cedex 1
(*arnaud.ameline@u-picardie.fr* - tél. : 0322827556)
- **AUDANT-LACOURT Pascaline**, INRA, SOPHIA-ANTIPOLIS
Interactions Biotiques en Santé Végétale, INRA, 400 route des Chappes, 06903 SOPHIA ANTIPOLIS
(*pascaline.audant@sophia.inra.fr* - tél. : 0492386577)
- **AUGÉ Matthew**, USDA-ARS, MONTPELLIER
European Biological Control Laboratory, USDA-ARS, Campus International de Baillarguet, 34988 SAINT
GELY DU FESC
(*rsforza@ars-ebcl.org* - tél. : 0499623007)
- **BAA-PUYOLET Patrice**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(*patrice.baa-puyoulet@lyon.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **BALMAND Séverine**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(*severine.balmand@jouy.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **BERLING Marie**, Université de Picardie, AMIENS
Biologie des Plantes et Contrôle des Insectes ravageurs, Université de Picardie Jules Verne, 33 rue Saint
Leu, 80039 AMIENS Cedex 1
(*marie.berling@u-picardie.fr* - tél. : 0322827547)
- **BOISSIÈRE Anne**, IRD, MONTPELLIER
Caractérisation et contrôle des populations de vecteurs, IRD, 911 Avenue Agropolis , 34394
MONTPELLIER
(*anne.boissiere@ird.fr* - tél. : 0617900562)
- **BOISSINOT Sylvaine**, INRA, COLMAR
Santé de la Vigne et Qualité du Vin, INRA, 28 rue de Herrlisheim, BP 20507, 68021 COLMAR
(*sylvaine.boissinot@colmar.inra.fr* - tél. : 0389224938)
- **BOLLAND Patrice**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(*patrice.bolland@lyon.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **BONIN Aurélie**, Université de Grenoble, GRENOBLE
Laboratoire d'Ecologie Alpine, Université Joseph Fourier Grenoble 1, BP 53 - 2233 Rue de la Piscine,
38041 GRENOBLE Cedex 9
(*aurelie.bonin@ujf-grenoble.fr* - tél. : 0476514673)

- **BOQUEL Sébastien**, Université de Picardie, AMIENS
Biologie des Plantes et Contrôle des Insectes ravageurs, Université de Picardie Jules Verne, 33 rue Saint Leu, 80039 AMIENS Cedex 1
(*sebastien.boquel@u-picardie.fr* - tél. : 0322827556)
- **BOURGOUIN Catherine**, Institut Pasteur, PARIS
Génétique et Génomique des Insectes Vecteurs, Institut Pasteur, 28 rue du Docteur Roux, 75734 PARIS Cedex 15
(*cabourg@pasteur.fr* - tél. : 0145688224)
- **BOUVERY Nathalie**, INRA, BORDEAUX
Génomique, Diversité et Pouvoir Pathogène, INRA, 71 avenue Edouard Bourlaux - BP 81, 33883 VILLENAVE D'ORNON Cedex
(*nbouvery@bordeaux.inra.fr* - tél. : 0557122362)
- **BRAULT Véronique**, INRA, COLMAR
Santé de la Vigne et Qualité du Vin, INRA, 28 rue de Herrlisheim, BP 20507, 68021 COLMAR
(*veronique.brault@colmar.inra.fr* - tél. : 0389224934)
- **BRESSAC Christophe**, Université de Tours, TOURS
Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Université François Rabelais Tours, Avenue Monge, 37200 TOURS
(*bressac@univ-tours.fr* - tél. : 0247367102)
- **BRINZA Lilia**, INSA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621 VILLEURBANNE Cedex
(*lilia.brinza@insa-lyon.fr* - tél. : 0472438356)
- **BRUN-BARALE Alexandra**, INRA, SOPHIA-ANTIPOLIS
Interactions Biotiques en Santé Végétale, INRA, 400 route des Chappes, 06903 SOPHIA ANTIPOLIS
(*Alexandra.Brun@sophia.inra.fr* - tél. : 0492386434)
- **CALEVRO Federica**, INSA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621 VILLEURBANNE Cedex
(*federica.calevro@insa-lyon.fr* - tél. : 0472438356)
- **CARTON Yves**, CNRS, GIF SUR YVETTE
Laboratoire Évolution, Génétique et Spéciation, CNRS, Avenue de la Terrasse, 91198 GIF SUR YVETTE
(*carton@legs.cnrs-gif.fr* - tél. : 0139517076)
- **CASAS Jérôme**, Université de Tours, TOURS
Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Université François Rabelais Tours, Avenue Monge, 37200 TOURS
(*jerome.casas@univ-tours.fr* - tél. : 0247366978)
- **CHAILLEUX Anaïs**, INRA, SOPHIA-ANTIPOLIS
Unité de Recherches Intégrées en Horticulture, INRA, 400 route des Chappes, 06903 SOPHIA ANTIPOLIS
(*anaïs.chailleux@sophia.inra.fr* - tél. : 0687490467)
- **CHARABIDZE Damien**, Université de Lille, LILLE
Institut Médico-Légal, Université Lille2, Place de Verdun, 59045 LILLE Cedex
(*damien@forenseek.org* - tél. : 0320623506)
- **CHARDONNET Floriane**, Université Pierre et Marie Curie, GIF SUR YVETTE
Laboratoire Évolution, Génétique et Spéciation, CNRS, Avenue de la Terrasse, 91198 GIF SUR YVETTE
(*floriane.chardonnet@legs.cnrs-gif.fr* - tél. : 0169824252)

- **CHARLES Hubert**, INSA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(hubert.charles@insa-lyon.fr - tél. : 0472438356)
- **CHOUQUET Bastien**, Université Paris-Sud, GIF SUR YVETTE
Laboratoire Évolution, Génétique et Spéciation, CNRS, Avenue de la Terrasse, 91198 GIF SUR YVETTE
(bastien.chouquet@legs.cnrs-gif.fr - tél. : 0624813120)
- **CLAVEL Alain**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(alain.clavel@lyon.inra.fr - tél. : 0472438356)
- **COELHO Alexandra**, Université de Dijon, DIJON
Centre des Sciences du Goût et de l'Alimentation, Université de Bourgogne Dijon, 6 bd Gabriel , 21000
DIJON
(alexandra_c89@hotmail.fr - tél. : 0380396210)
- **COLELLA Stefano**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(stefano.colella@lyon.inra.fr - tél. : 0472438356)
- **COLINET Hervé**, Université de Louvain, LOUVAIN (BELGIQUE)
Earth and Life Institute, Université de Louvain, Biodiversity research center (BDIV), Place Croix du Sud, 4-
5 (Carnoy), 1348 LOUVAIN LA NEUVE, BELGIQUE
(herve.colinet@uclouvain.be - tél. : 32-10473491)
- **COSTECHAREYRE Denis**, INSA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(denis.ecomicro@gmail.com - tél. : 0472438356)
- **CZOSNEK Henryk**, Hebrew University of Jerusalem, REHOVOT (ISRAEL)
Institute of Plant Sciences and Genetics in Agriculture, Hebrew University of Jerusalem, Faculty of
Agriculture, Food and Environment, REHOVOT 76100, ISRAEL
(czosnek@agri.huji.ac.il - tél. : 972 8 9489249)
- **DA SILVA Pedro**, INSA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(pedro.da-silva@insa-lyon.fr - tél. : 0472438356)
- **DANET Jean-Luc**, INRA, BORDEAUX
Génomique, Diversité et Pouvoir Pathogène, INRA, 71 avenue Edouard Bourlaux - BP 81, 33883
VILLENAVE D'ORNON Cedex
(danet@bordeaux.inra.fr - tél. : 0557122358)
- **DARBOUX Isabelle**, INRA, MONTPELLIER
Biologie Intégrative et Virologie des Insectes, Université Montpellier 2, Place Eugene Bataillon, 34095
MONTPELLIER
(darboux@supagro.inra.fr - tél. : 0467144511)
- **DARROUZET Eric**, Université de Tours, TOURS
Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Université François Rabelais Tours, Avenue Monge,
37200 TOURS
(eric.darrouzet@univ-tours.fr - tél. : 0247367160)

- **DAVOUST-NATAF Nathalie**, ENS, LYON
Laboratoire de Biologie Moléculaire de la Cellule, Ecole Normale Supérieure de Lyon, 46 allée d'Italie, 69364 LYON Cedex 07
(*nathalie.davoust-nataf@ens-lyon.fr - tél. : 0472728163*)
- **DEBIAS François**, Université de Lyon, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre 1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*francois.debias@univ-lyon1.fr - tél. : 0472442929*)
- **DEDEINE Franck**, Université de Tours, TOURS
Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Université François Rabelais Tours, Avenue Monge, 37200 TOURS
(*franck.dedeine@univ-tours.fr - tél. : 0247367372*)
- **DELAVA Emilie**, Université de Lyon, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre 1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*emilie.delava@hotmail.fr - tél. : 0472432908*)
- **DESOUHANT Emmanuel**, Université de Lyon, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre 1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*desouhan@biomserv.univ-lyon1.fr - tél. : 0472448142*)
- **DOUCOURÉ Souleymane**, IRD, MONTPELLIER
Caractérisation et contrôle des populations de vecteurs, IRD, 911 Avenue Agropolis , 34394 MONTPELLIER
(*souleymane.doucoure@ird.fr - tél. : 0467416178*)
- **DREZEN Jean-Michel**, CNRS, TOURS
Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Université François Rabelais Tours, Avenue Monge, 37200 TOURS
(*drezen@univ-tours.fr - tél. : 0247367357*)
- **DSOULI-AYMES Najla**, CNRS, MONTPELLIER
Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive, CNRS, 1919 Route de Mende, 34293 MONTPELLIER Cedex 5
(*dsouli2005@yahoo.fr - tél. : 0699368395*)
- **DUGRAVOT Sébastien**, Université de Rennes, RENNES
Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes, Université de Rennes 1, Campus Beaulieu, avenue du Général Leclerc, 35042 RENNES
(*sebastien.dugravot@univ-rennes1.fr - tél. : 0223235867*)
- **DUPORT Gabrielle**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621 VILLEURBANNE Cedex
(*gabrielle.duport@jouy.inra.fr - tél. : 0472438356*)
- **DUPORTETS Line** , Université Paris Sud, PARIS
Physiologie de l'Insecte : Signalisation et Communication, Université Pierre et Marie Curie, 7 quai Saint Bernard, Bat A 4e étage, case courrier 1211, 752582 PARIS Cedex 05
(*line.duportets@snv.jussieu.fr - tél. : 0144273819*)
- **DURAND Bénédicte**, Université de Lyon, LYON
Centre de Génétique Moléculaire et Cellulaire, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre 1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*benedicte.durand@univ-lyon1.fr - tél. : 0472446260*)

- **DUTARTRE Leslie**, INRA, SOPHIA-ANTIPOLIS
Interactions Biotiques en Santé Végétale, INRA, 400 route des Chappes, 06903 SOPHIA ANTIPOLIS
(*leslie.dutartre@sophia.inra.fr - tél. : 0492386433*)
- **ESCOUBAS Jean-Michel**, CNRS, MONTPELLIER
Écologie Microbienne des Insectes et Interactions Hôte-Pathogène, Université Montpellier 2, Place Eugene Bataillon, 34095 MONTPELLIER
(*Jean-Michel.Escoubas@univ-montp2.fr - tél. : 0467144711*)
- **EYRAUD Vanessa**, INSA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621 VILLEURBANNE Cedex
(*vanessaeyraud@hotmail.fr - tél. : 0472438356*)
- **FABLET Marie**, Université de Lyon, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre 1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*marie.fablet@univ-lyon1.fr - tél. : 0472432916*)
- **FEBVAY Gérard**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621 VILLEURBANNE Cedex
(*gerard.febvay@lyon.inra.fr - tél. : 0472438356*)
- **FOISSAC Xavier**, INRA, BORDEAUX
Génomique, Diversité et Pouvoir Pathogène, INRA, 71 avenue Edouard Bourlaux - BP 81, 33883 VILLENAVE D'ORNON Cedex
(*foissac@bordeaux.inra.fr - tél. : 0557122360*)
- **FORAY Vincent**, Université de Lyon, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre 1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*vincent.foray@univ-lyon1.fr - tél. : 0472442816*)
- **FOUGÈRE Aurélie**, Institut Pasteur, PARIS
Génétique et Génomique des Insectes Vecteurs, Institut Pasteur, 28 rue du Docteur Roux, 75734 PARIS Cedex 15
(*fougere@pasteur.fr - tél. : 0140613084*)
- **FOUQUET Diane**, Université de Toulouse, TOULOUSE
Centre de Recherches sur la Cognition Animale, Université Paul Sabatier Toulouse3, Bât IVR3, 118 route de Narbonne, 31062 TOULOUSE Cedex 09
(*dianefouquet@live.fr - tél. : 0561558871*)
- **FOURCASSIÉ Vincent**, CNRS, TOULOUSE
Centre de Recherches sur la Cognition Animale, Université Paul Sabatier Toulouse3, Bât IVR3, 118 route de Narbonne, 31062 TOULOUSE Cedex 09
(*fourcass@cict.fr - tél. : 0561556731*)
- **FOURNIER Philippe**, INRA, MONTPELLIER
Biologie Intégrative et Virologie des Insectes, Université Montpellier 2, Place Eugene Bataillon, 34095 MONTPELLIER
(*fourniep@supagro.inra.fr - tél. : 0467144113*)
- **FRAICHARD Stéphane**, Université de Dijon, DIJON
Centre des Sciences du Goût et de l'Alimentation, Université de Bourgogne Dijon, 6 bd Gabriel , 21000 DIJON
(*Fraichar@u-bourgogne.fr - tél. : 0380396210*)

- **FRANCIS Frédéric**, Université de Liège, GEMBLOUX (BELGIQUE)
Entomologie Fonctionnelle et Évolutive, Université de Liège, Gembloux Agro-Bio Tech, Passage des Déportés, 2, B-5030 GEMBLOUX, BELGIQUE
(*Frederic.Francis@ulg.ac.be* - tél. : 32-81622283)
- **FREROT Brigitte**, INRA, VERSAILLES
Physiologie de l'Insecte : Signalisation et Communication, INRA, Bât 1 - Rte de St Cyr, 78026 VERSAILLES Cedex
(*brigitte.frerot@versailles.inra.fr* - tél. : 0130833144)
- **FROISSART Lucie**, Université de Lyon, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre 1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*lucie.froissart@univ-lyon1.fr* - tél. : 0668194480)
- **GADENNE Christophe**, INRA, VERSAILLES
Physiologie de l'Insecte : Signalisation et Communication, INRA, Bât 1 - Rte de St Cyr, 78026 VERSAILLES Cedex
(*christophe.gadanne@versailles.inra.fr* - tél. : 0130833691)
- **GAGET Karen**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621 VILLEURBANNE Cedex
(*karen.gaget@jouy.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **GARSON Solène**, Université de Picardie, AMIENS
Biologie des Plantes et Contrôle des Insectes ravageurs, Université de Picardie Jules Verne, 33 rue Saint Leu, 80039 AMIENS Cedex 1
(*solene.garson@u-picardie.fr* - tél. : 0322827547)
- **GERARDIN Cécile**, INRA, RENNES
Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes, INRA, BP 35327, 35653 LE RHEU Cedex
(*cgerardi@rennes.inra.fr* - tél. : 0223485100)
- **GIBERT Patricia**, CNRS, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre 1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*patricia.gibert@univ-lyon1.fr* - tél. : 0472432910)
- **GIMONNEAU Geoffrey**, IRD, MONTPELLIER
Caractérisation et contrôle des populations de vecteurs, IRD, 911 Avenue Agropolis , 34394 MONTPELLIER
(*geoffrey.gimonneau@ird.fr* - tél. : 0467416294)
- **GIORDANENGO Philippe**, Université de Picardie, AMIENS
Biologie des Plantes et Contrôle des Insectes ravageurs, Université de Picardie Jules Verne, 33 rue Saint Leu, 80039 AMIENS Cedex 1
(*philippe.giordanengo@u-picardie.fr* - tél. : 0322827879)
- **GIRON David**, CNRS, TOURS
Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Université François Rabelais Tours, Avenue Monge, 37200 TOURS
(*david.giron@univ-tours.fr* - tél. : 0247367349)
- **GLASER Nicolas**, INRA, VERSAILLES
Physiologie de l'Insecte : Signalisation et Communication, INRA, Bât 1 - Rte de St Cyr, 78026 VERSAILLES Cedex
(*nicolas.glaser@versailles.inra.fr* - tél. : 0130833107)

- **GOUBAULT Marlène**, Université de Tours, TOURS
Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Université François Rabelais Tours, Avenue Monge,
37200 TOURS
(marlene.goubault@univ-tours.fr - tél. : 0247367349)
- **GRESSENT Frédéric**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(frederic.gressent@jouy.inra.fr - tél. : 0472438356)
- **GUYOT sylvain**, Université de Tours, TOURS
Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Université François Rabelais Tours, Avenue Monge,
37200 TOURS
(sylvain.guyot@univ-tours.fr - tél. : 0247367372)
- **HARRY Myriam**, Université Paris-Sud, GIF SUR YVETTE
Laboratoire Évolution, Génétique et Spéciation, CNRS, Avenue de la Terrasse, 91198 GIF SUR YVETTE
(myriam.harry@legs.cnrs-gif.fr - tél. : 0169824234)
- **HEDDI Abdelaziz**, INSA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(abdelaziz.heddi@insa-lyon.fr - tél. : 0472438356)
- **HERRBACH Etienne**, INRA, COLMAR
Santé de la Vigne et Qualité du Vin, INRA, 28 rue de Herrlisheim, BP 20507, 68021 COLMAR
(etienne.herrbach@colmar.inra.fr - tél. : 0389224942)
- **HILLIOU Frédérique**, INRA, SOPHIA-ANTIPOLIS
Interactions Biotiques en Santé Végétale, INRA, 400 route des Chappes, 06903 SOPHIA ANTIPOLIS
(hilliou@sophia.inra.fr - tél. : 0492386578)
- **HULLÉ Maurice**, INRA, RENNES
Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes, INRA, BP 35327,
35653 LE RHEU Cedex
(maurice.hulle@rennes.inra.fr - tél. : 0223485167)
- **JACQUIN-JOLY Emmanuelle**, INRA, VERSAILLES
Physiologie de l'Insecte : Signalisation et Communication, INRA, Bât 1 - Rte de St Cyr, 78026 VERSAILLES
Cedex
(Emmanuelle.Jacquin@versailles.inra.fr - tél. : 0130833212)
- **JAUBERT-POSSAMAI Stéphanie**, INRA, RENNES
Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes, INRA, BP 35327,
35653 LE RHEU Cedex
(stephanie.jaubert@rennes.inra.fr - tél. : 0223485165)
- **JOUSSELIN Emmanuelle**, INRA, MONTPELLIER
Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, Campus International de Baillarguet, 34988
MONTFERRIER SUR LEZ Cedex
(jousseli@supagro.inra.fr - tél. : 0499623326)
- **KAISER Laure**, INRA, GIF SUR YVETTE
Laboratoire Évolution, Génétique et Spéciation, CNRS, Avenue de la Terrasse, 91198 GIF SUR YVETTE
(kaiser@legs.cnrs-gif.fr - tél. : 0169823704)
- **KAUFMANN Bernard**, Université de Lyon, LYON
Ecologie des hydrosystèmes fluviaux, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre 1918,
69622 VILLEURBANNE Cedex
(bernard.kaufmann@univ-lyon1.fr - tél. : 0472447953)

- **KELLER Laurent**, Université de Lausanne, LAUSANNE (SUISSE)
Département d'Écologie et Évolution, Université de Lausanne, Biophore, 1015 LAUSANNE, SUISSE
(*Laurent.keller@unil.ch* - tél. : 41-21 692-41-73)
- **LABROUSSAA Fabien**, Université de Bordeaux, BORDEAUX
Génomique, Diversité et Pouvoir Pathogène, INRA, 71 avenue Edouard Bourlaux - BP 81, 33883
VILLENAVE D'ORNON Cedex
(*Fabien.Labroussaa@bordeaux.inra.fr* - tél. : 0557122362)
- **LACROZE Jean-Philippe**, INRA, AVIGNON
Plantes et Systèmes de Culture Horticoles, INRA, Domaine St Paul, Agroparc, 84914 AVIGNON Cedex 9
(*jean-philippe.lacroze@avignon.inra.fr* - tél. : 0432722617)
- **LAHONDÈRE Chloé**, Université de Tours, TOURS
Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Université François Rabelais Tours, Avenue Monge,
37200 TOURS
(*chloe.lahondere@etu.univ-tours.fr* - tél. : 0685496173)
- **LASUE Pauline**, FREDON de Picardie, AMIENS
FREDON de Picardie, 518 rue St Fuscien, Allée de la Croix Rompue, 80000 AMIENS
(*plasue.fredonpic@orange.fr* - tél. : 0322335598)
- **LE MAGUET Jean**, INRA, COLMAR
Santé de la Vigne et Qualité du Vin, INRA, 28 rue de Herrlisheim, BP 20507, 68021 COLMAR
(*jean.le-maguet@colmar.inra.fr* - tél. : 0389224940)
- **LERAT Emmanuelle**, CNRS, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre
1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*lerat@biomserv.univ-lyon1.fr* - tél. : 0472432918)
- **LEVASHINA Elena**, CNRS, STRASBOURG
Réponse immunitaire et développement chez les Insectes, Institut de Biologie Moléculaire et Cellulaire,
15 Rue René Descartes, 67084 STRASBOURG Cedex
(*E.Levashina@ibmc.u-strasbg.fr* - tél. : 0388417095)
- **MAIGNET Pascal**, BIOTOP / INVIVO, VALBONNE
BIOTOP / INVIVO, route de Biot, 06560 VALBONNE
(*pmaignet@biotop.fr* - tél. : 0632357220)
- **MARTIN Ludmilla**, INRA, RENNES
Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes, INRA, BP 35327,
35653 LE RHEU Cedex
(*lmartin@rennes.inra.fr* - tél. : 0223485100)
- **MARTINEZ Julien**, Université de Lyon, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre
1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*julien.martinez@univ-lyon1.fr* - tél. : 0472432908)
- **MAUCHAMP Bernard**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(*bernard.mauchamp@lyon.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **MENU Frédéric**, Université de Lyon, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre
1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*frederic.menu@univ-lyon1.fr* - tél. : 0472448143)

- **MERVILLE Adrien**, Université de Lyon, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre
1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*Adrien.Merville@univ-lyon1.fr* - tél. : 0472432902)
- **MEUNIER Joël**, Université de Bâle, BÂLE (SUISSE)
Institut de Zoologie - Biologie de l'évolution, Université de Bâle, Vesalgasse 1, 4056 BASEL, SUISSE
(*joel.meunier@unibas.ch* - tél. : 41787150734)
- **MOHAMAD Rihab**, Université de Tours, TOURS
Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Université François Rabelais Tours, Avenue Monge,
37200 TOURS
(*dib305@hotmail.com* - tél. : 0247367352)
- **MOLLEREAU Bertrand**, ENS, LYON
Laboratoire de Biologie Moléculaire de la Cellule, Ecole Normale Supérieure de Lyon, 46 allée d'Italie,
69364 LYON Cedex 07
(*Bertrand.Mollereau@ens-lyon.fr* - tél. : 0472728163)
- **MONDY Nathalie**, Université de Lyon, LYON
Ecologie des Hydrosystèmes Fluviaux, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre 1918,
69622 VILLEURBANNE Cedex
(*nathalie.mondy@univ-lyon1.fr* - tél. : 0472431520)
- **MONÉGAT Carole**, INSA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(*carole.monegat@insa-lyon.fr* - tél. : 0472438356)
- **MONGE Jean-Paul**, Université de Tours, TOURS
Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Université François Rabelais Tours, Avenue Monge,
37200 TOURS
(*jean-paul.monge@univ-tours.fr* - tél. : 0247366974)
- **MONSION Baptiste**, INRA, COLMAR
Santé de la Vigne et Qualité du Vin, INRA, 28 rue de Herrlisheim, BP 20507, 68021 COLMAR
(*baptiste.monsion@colmar.inra.fr* - tél. : 0389224945)
- **MOREL Véronique**, CNRS, LYON
Laboratoire de Biologie Moléculaire de la Cellule, Ecole Normale Supérieure de Lyon, 46 allée d'Italie,
69364 LYON Cedex 07
(*veronique.morel@ens-lyon.fr* - tél. : 0472728669)
- **MOURET Hugues**, Arthropologia, LYON
Arthropologia, 7 place de l'Eglise, 69210 LENTILLY
(*hmouret@arthropologia.org* - tél. : 0472579278)
- **MULTEAU Cécilia**, INRA, MONTPELLIER
Biologie Intégrative et Virologie des Insectes, Université Montpellier 2, Place Eugene Bataillon, 34095
MONTPELLIER
(*cecilia.multeau@supagro.inra.fr* - tél. : 0467144511)
- **NAPPI Anthony**, Loyola University Chicago, CHICAGO (USA)
Department of Biology, Loyola University Chicago, 1122 S. Stone Ave, LA GRANGE IL 60525, USA
(*anappi@luc.edu* - tél. : 1-708-408-9508)
- **NEL Patricia**, INAPG, PARIS
Origine Structure et Evolution de la Biodiversité, Muséum National d'Histoire Naturelle, BP 50, 45 rue
Buffon, 75005 PARIS
(*pnel@mnhn.fr* - tél. : 0616480206)

- **OGLIASTRO Mylène**, INRA, MONTPELLIER
Biologie Intégrative et Virologie des Insectes, Université Montpellier 2, Place Eugene Bataillon, 34095 MONTPELLIER
(*ogliastr@supagro.inra.fr* - tél. : 0467144119)
- **OLLIVIER Laurence**, CIRAD, MONTPELLIER
Maîtrise des bioagresseurs des cultures pérennes, CIRAD TA A 31/02, Avenue Agropolis, 34398 MONTPELLIER Cedex 5
(*laurence.ollivier@cirad.fr* - tél. : 0467593116)
- **PAURON David**, INRA, SOPHIA-ANTIPOLIS
Interactions Biotiques en Santé Végétale, INRA, 400 route des Chappes, 06903 SOPHIA ANTIPOLIS
(*pauron@sophia.inra.fr* - tél. : 0492386519)
- **PELISSON Pierre-Francois**, Université de Lyon, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre 1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*pelisson@biomserv.univ-lyon1.fr* - tél. : 0472432902)
- **PERRIN Aurélie**, INRA, MONTPELLIER
Biologie Intégrative et Virologie des Insectes, Université Montpellier 2, Place Eugene Bataillon, 34095 MONTPELLIER
(*perrinau@supagro.inra.fr* - tél. : 0467144119)
- **PINTUREAU Bernard**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621 VILLEURBANNE Cedex
(*bernard.pintureau@jouy.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **POINTEAU Sophie**, Université d'Orléans, ORLEANS
Laboratoire de Biologie des Ligneux et des Grandes Cultures, Université d'Orléans, Rue de Chartres, BP 6759, 45067 ORLEANS Cedex
(*sophie.pointeau@univ-orleans.fr* - tél. : 0238494332)
- **POIRIÉ Marylène**, Université Nice Sophia-Antipolis, SOPHIA-ANTIPOLIS
Interactions Biotiques en Santé Végétale, INRA, 400 route des Chappes, 06903 SOPHIA ANTIPOLIS
(*poirie@sophia.inra.fr* - tél. : 0492386409)
- **POIVET Erwan**, INRA, VERSAILLES
Physiologie de l'Insecte : Signalisation et Communication, INRA, Bât 1 - Rte de St Cyr, 78026 VERSAILLES Cedex
(*erwan.poivet@versailles.inra.fr* - tél. : 0130833107)
- **PONDEVILLE Emilie**, Institut Pasteur, PARIS
Génétique et Génomique des Insectes Vecteurs, Institut Pasteur, 28 rue du Docteur Roux, 75734 PARIS Cedex 15
(*emilie.pondeville@pasteur.fr* - tél. : 0140613084)
- **POUPARDIN Rodolphe**, Université de Grenoble, GRENOBLE
Laboratoire d'Ecologie Alpine, Université Joseph Fourier Grenoble 1, BP 53 - 2233 Rue de la Piscine, 38041 GRENOBLE Cedex 9
(*rodolphe.poupardin@e.ujf-grenoble.fr* - tél. : 0628211793)
- **RABATEL Andréane**, INSA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621 VILLEURBANNE Cedex
(*andreane.rabatel@jouy.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **RAHBÉ Yvan**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621 VILLEURBANNE Cedex
(*yvan.rahbe@insa-lyon.fr* - tél. : 0472438356)

- **RAHIOUI Isabelle**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(*isabelle.rahioui@lyon.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **REBAUDO François**, IRD, GIF SUR YVETTE
Laboratoire Évolution, Génétique et Spéciation, CNRS, Avenue de la Terrasse, 91198 GIF SUR YVETTE
(*rebaudo@legs.cnrs-gif.fr* - tél. : 0169824251)
- **REINBOLD Catherine**, INRA, COLMAR
Santé de la Vigne et Qualité du Vin, INRA, 28 rue de Herrlisheim, BP 20507, 68021 COLMAR
(*catherine.reinbold@colmar.inra.fr* - tél. : 0389224938)
- **RIAZ Muhammad Asam**, Université de Grenoble, GRENOBLE
Laboratoire d'Ecologie Alpine, Université Joseph Fourier Grenoble 1, BP 53 - 2233 Rue de la Piscine,
38041 GRENOBLE Cedex 9
(*masam_ua@yahoo.com* - tél. : 0679372144)
- **ROCHAT Didier**, INRA, VERSAILLES
Physiologie de l'Insecte : Signalisation et Communication, INRA, Bât 1 - Rte de St Cyr, 78026 VERSAILLES
Cedex
(*didier.rochat@versailles.inra.fr* - tél. : 0130833164)
- **ROYER Corinne**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(*corinne.royer@lyon.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **SAILLARD Colette**, Université de Bordeaux, BORDEAUX
Génomique, Diversité et Pouvoir Pathogène, INRA, 71 avenue Edouard Bourlaux - BP 81, 33883
VILLENAVE D'ORNON Cedex
(*saillard@bordeaux.inra.fr* - tél. : 0557122362)
- **SAPOUNTZIS Panagiotis**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(*psapountzis@jouy.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **SAUGE Marie-Hélène**, INRA, AVIGNON
Plantes et Systèmes de Culture Horticoles, INRA, Domaine St Paul, Agroparc, 84914 AVIGNON Cedex 9
(*marie-helene.sauge@avignon.inra.fr* - tél. : 0432722617)
- **SAUVION Nicolas**, INRA, MONTPELLIER
Biologie et Génétique des Interactions Plantes-Agents Pathogènes, CIRAD TA A 54/K, Campus
international de Baillarguet, 34398 MONTPELLIER Cedex 5
(*sauvion@supagro.inra.fr* - tél. : 0499624841)
- **SCHMITZ Antonin**, INRA, SOPHIA-ANTIPOLIS
Interactions Biotiques en Santé Végétale, INRA, 400 route des Chappes, 06903 SOPHIA ANTIPOLIS
(*antonin.schmitz@sophia.inra.fr* - tél. : 0492386409)
- **SERVIER Stéphanie**, INRA, AVIGNON
Plantes et Systèmes de Culture Horticoles, INRA, Domaine St Paul, Agroparc, 84914 AVIGNON Cedex 9
(*stephanie.servier@avignon.inra.fr* - tél. : 0432722617)
- **SFORZA René**, USDA-ARS, MONTPELLIER
European Biological Control Laboratory, USDA-ARS, Campus International de Baillarguet, 34988 SAINT
GELY DU FESC
(*rsforza@ars-ebcl.org* - tél. : 0499623007)

- **SIMON Jean-Christophe**, INRA, RENNES
Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes, INRA, BP 35327,
35653 LE RHEU Cedex
(*jean-christophe.simon@rennes.inra.fr* - tél. : 0223485154)
- **SIVIGNON Catherine**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(*catherine.sivignon@lyon.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **STANOJCIC Slavica**, Université de Montpellier, MONTPELLIER
Biologie Intégrative et Virologie des Insectes, Université Montpellier 2, Place Eugene Bataillon, 34095
MONTPELLIER
(*sstanojic@univ-montp2.fr* - tél. : 0467144720)
- **TABONE Elisabeth**, INRA, SOPHIA-ANTIPOLIS
Unité Lutte Biologique, INRA, 400 route des Chappes, 06903 SOPHIA ANTIPOLIS
(*tabone@sophia.inra.fr* - tél. : 0492386426)
- **TAGU Denis**, INRA, RENNES
Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes, INRA, BP 35327,
35653 LE RHEU Cedex
(*Denis.Tagu@rennes.inra.fr* - tél. : 0223485165)
- **TARANTINO Sylvie**, TOXIBIONTE, CHEYSSIEU
TOXIBIONTE, 733 route de Fontfroide, 38550 CHEYSSIEU
(*sylvie.tarantino@toxibionte.fr* - tél. : 0686459979)
- **TERZIAN Christophe**, EPHE, LYON
Rétrovirus et Pathologie Comparée, Université Claude Bernard Lyon1, 50 avenue Tony Garnier, 69366
LYON Cedex 07
(*cterzian@recherche.univ-lyon1.fr* - tél. : 0437287416)
- **TRAP-GENTIL Marie-Véronique**, INRA, RENNES
Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes, INRA, BP 35327,
35653 LE RHEU Cedex
(*marie.trap-gentil@rennes.inra.fr* - tél. : 0223485206)
- **UZEST Marilyne**, INRA, MONTPELLIER
Biologie et Génétique des Interactions Plantes-Agents Pathogènes, CIRAD TA A 54/K, Campus
international de Baillarguet, 34398 MONTPELLIER Cedex 5
(*marilyne.uzest@supagro.inra.fr* - tél. : 0499624851)
- **VALLIER Agnès**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(*agnes.vallier@jouy.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **VAVRE Fabrice**, CNRS, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre
1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*vavre@biomserv.univ-lyon1.fr* - tél. : 0472431921)
- **VERGÈS Marina**, INRA, LYON
Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
VILLEURBANNE Cedex
(*marina.verges@lyon.inra.fr* - tél. : 0472438356)
- **VIEIRA Christina**, Université de Lyon, LYON
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 Bd du 11 novembre
1918, 69622 VILLEURBANNE Cedex
(*vieira@biomserv.univ-lyon1.fr* - tél. : 0472432918)

- **VIGNERON Aurélien**, INSA, LYON
 Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, INSA, Bât L. Pasteur, 11 avenue Jean Capelle, 69621
 VILLEURBANNE Cedex
(aurelien.vigneron@insa-lyon.fr - tél. : 0472438356)

- **VINAUGER Clément**, Université de Tours, TOURS
 Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, Université François Rabelais Tours, Avenue Monge,
 37200 TOURS
(clement.vinauger@etu.univ-tours.fr - tél. : 0247366970)

- **VOGT Richard G.**, University of South Carolina, COLUMBIA (USA)
 Department of Biological Sciences, University of South Carolina, 715 Sumter Street, COLUMBIA SC
 29208, USA
(vogt@biol.sc.edu - tél. : 803-777-8101)

- **VOLKOFF Nathalie**, INRA, MONTPELLIER
 Biologie Intégrative et Virologie des Insectes, Université Montpellier 2, Place Eugène Bataillon, 34095
 MONTPELLIER
(volkoff@supagro.inra.fr - tél. : 0467144118)

- **WATTIER Christopher**, Université de Picardie, AMIENS
 Biologie des Plantes et Contrôle des Insectes ravageurs, Université de Picardie Jules Verne, 33 rue Saint
 Leu, 80039 AMIENS Cedex 1
(christopher.wattier@u-picardie.fr - tél. : 0322827552)

CBI 2010

