



HAL
open science

Spécialisation d'hôte et structure des populations de *Mycosphaerella graminicola*, agent de la Septoriose du blé

Johann J. Confais, Lilian L. Gout, Marie Massot

► **To cite this version:**

Johann J. Confais, Lilian L. Gout, Marie Massot. Spécialisation d'hôte et structure des populations de *Mycosphaerella graminicola*, agent de la Septoriose du blé. 36ème colloque " Petit pois déridé ", Aug 2015, orsay, France. 2014. hal-02798252

HAL Id: hal-02798252

<https://hal.inrae.fr/hal-02798252v1>

Submitted on 5 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.

Petit Pois Dérivé

36^{ème} réunion du Groupe d'étude de biologie et génétique des populations



25-28 août 2014

Bât. 452
Amphi. F2
Université Paris-Sud
Orsay

http://colloque.inra.fr/petit_pois_deride_2014

ppd2014.orsay@gmail.com



Labex
BASC

Résumés des posters

1. Phenotypic plasticity of *Mycosphaerella* populations in response to temperature variation

[Maroua Bouzid Elkhessairi](#)

Résumé

Pathogenic fungi populations are often characterized by a large number of individuals, high dispersion, asexual and sexual reproduction, which together contribute to genetic and phenotypic variation. In the context of global change it is fundamental to understand how species in our agro-ecosystems adapt to modifications of their environment. We thus are interested to tackle this question by studying the phenotypic plasticity and genetic mechanisms of adaptation to temperature of *Mycosphaerella graminicola*. This ascomycete fungus causes one of the most important diseases of wheat worldwide. Using 36 strains isolated from the south and the north of France, we developed in vitro experiments to measure the strain developmental response to five temperatures. We established reaction norms and observed phenotypic plasticity, with different responses among the strains. However, no clear correlation was observed between response to temperature and latitude. A genome-wide association study is currently underway to examine genome regions involved in the developmental plasticity.

Mots-clés

Mycosphaerella graminicola, Phenotypic plasticity, Genome-wide association study, Population genomics

2. Spécialisation d'hôte et structuration des populations de *Mycosphaerella graminicola*

Johann Confais, Marie Massot et Lilian Gout

INRA, UR1290 BIOGER-CPP, Campus AgroParisTech, 78850 Thiverval-Grignon, France

Résumé

La Septoriose est l'une des maladies majeures du blé en France et dans le monde, avec une nuisibilité importante en cas de forte attaque. Si cette maladie, causée par le champignon ascomycète *Mycosphaerella graminicola* (forme asexuée *Zymoseptoria tritici*), se développe aussi bien sur le blé tendre (*Triticum aestivum*) que le blé dur (*Triticum turgidum*), les populations se développant sur les cultures de blé dur restent rarement étudiées et leur éventuelle spécialisation sur cette plante hôte est peu caractérisée. Cependant, des études précédentes ont mis en évidence chez quelques souches une certaine spécialisation pour leur hôte d'origine. En effet, trois classes de souches ont été identifiées suite à des expériences d'inoculations croisées sur chaque espèce de blé : 1) des souches spécialisées sur le blé dur qui ne sont pas pathogènes du blé tendre, 2) des souches spécialisées sur le blé tendre qui ne sont pas pathogènes du blé dur et 3) des souches généralistes, capables d'infecter les deux espèces de blé. Caractériser la base génétique de cette spécialisation d'hôte permettrait d'améliorer notre compréhension de l'émergence de nouvelles maladies de plantes par saut d'hôte, ce qui représente une question fondamentale en écologie évolutive et un enjeu majeur pour la gestion de la santé des plantes. La diversité du paysage agricole français nous offre un dispositif expérimental adapté pour étudier la spécialisation d'hôte de *M. graminicola* sur des variétés de blé tendre ou de blé dur. En effet, le Sud-est de la France est spécialisé dans la culture de blé dur, à l'inverse seules des variétés de blé tendre sont cultivées dans le Nord alors que les deux espèces de blé sont cultivées en sympatrie dans les régions Centre et Sud-ouest, mais avec un historique de co-culture plus récent pour la région Centre. A partir d'un large échantillonnage dans ces quatre régions et sur des variétés de blé tendre et/ou blé dur, notre objectif est de préciser à une échelle populationnelle le degré de spécialisation à l'hôte de *M. graminicola*, l'effet de cette spécialisation sur la structure génétique des populations et d'identifier sa base génétique. Les premiers résultats concernant la structuration génétique des populations de *M. graminicola* révélées par 12 marqueurs microsatellites seront présentés. En particulier nous avons testé l'hypothèse de l'effet des plantes hôte d'origine sur l'existence de barrières de flux de gènes entre les populations infectant le blé tendre ou le blé dur.

Mots-clés

spécialisation d'hôte, *Mycosphaerelle graminicola*

3. Faire face aux routes d'invasion d'un ancien envahisseur: Le cas de *Pseudococcus viburni* (Hemiptera : Pseudococcidae)

[Margarita Correa](#)¹, [Thibaut Malausa](#)^{2,3,4}, [Tania Zaviezo](#)¹ et [Eric Lombaert](#)^{2,3,4}

1. Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, P. Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile, macorre1@uc.cl.
2. Inra, UMR 1355 ISA, 06903 Sophia-Antipolis, France.
3. Université de Nice Sophia Antipolis, UMR ISA, 06903 Sophia-Antipolis, France.4 CNRS, UMR 7254 ISA, 06903 Sophia-Antipolis, France.

Résumé

Pseudococcus viburni est un ravageur agricole cosmopolite probablement originaire de l'Amérique du Sud. L'histoire suggère que l'expansion mondiale de *P. viburni* a commencé vers 1600 avec les échanges commerciaux de la pomme de terre ; toutefois, les premiers registres de quarantaine ne datent que de 1890. La structure génétique de *Ps. viburni* se caractérise par un ensemble de plusieurs petites populations avec une diversité génétique faible. Son histoire d'invasion ancienne et sa structure génétique particulière font de *Ps. viburni* un cas intéressant et stimulant pour la reconstruction de ses routes d'invasion à l'échelle mondiale. Pour caractériser en détail la structure génétique des populations de l'espèce et inférer ses routes d'invasion, nous avons collecté plus de 40 populations dans le monde. Celles-ci ont été génotypées à l'aide de 21 marqueurs microsatellites et amplifiés à la région mitochondrial LCO. Nous avons ensuite utilisé la méthode ABC (Approximate Bayesian Computation) pour quantitativement comparer différents scénarios évolutifs. Les statistiques résumées de génétique des populations suggèrent une histoire démographique complexe, avec des FST compris entre 0 et 0.74. Pour dénouer cette histoire, nous avons combiné différentes méthodes: statistiques classiques, « Bayesian Assignment tests » et méthodes ABC. Dans ce travail, nous discutons de l'origine et des routes d'invasion de *Ps. viburni* en Europe, en Amérique du Nord et en Océanie en comparant les résultats obtenus avec des méthodes statistiques complémentaires.

Mots-clés

cochenille farineuse, microsatellite, LCO, DIYABC, mealybug

4. Wheatamix

The Wheatamix Consortium: V Allard¹, B Andrieu², S Barot³, J Borg⁴, A Cantarel⁵, C Cervek⁶, F Coleno⁷, C de Vallavieille-Pope⁸, D Descoureaux⁹, F Dubs³, J Enjalbert⁴, M Feret¹⁰, N. Galic⁴, A Gauffreteau¹¹, F Gilet¹², I Goldringer⁴, M Hannachi⁷, G Houivet¹⁰, S Jouanne⁴, MH Jeuffroy¹¹, C Kerbiriou¹³, P Labarthe⁷, JC Lata³, C Lecarpentier⁴, L Lejars¹⁴, B Lemain¹², S Lemarié¹⁵, F Leny¹⁶, X. Le Roux⁵, I Le Viol¹³, C Montagnier², A Niboyet³, B Omon¹⁶, S Piaud¹⁷, F Poly⁵, T Pommier⁵, E Porcher¹³, S Saint-Jean², S Salmon², D Tropée⁴, T Vidal^{2,1}.

1. UMR Génétique Diversité et Ecophysiologie des Céréales (UMR 1095)-5 chemin de Beaulieu 63100 Clermont-Ferrand
2. UMR Environnement et Grandes Cultures (UMR 1091)-Route de la Ferme 78850 Thiverval-Grignon
3. UMR Institut d'Ecologie et des Sciences de l'Environnement de Paris (UMR 1392)-Univ. Paris 6 UPMC 7 quai Saint-Bernard 75005 Paris,
4. UMR de Génétique Végétale (UMR 0320)-Chemin du Moulon 91190 Gif-sur-Yvette,
5. Ecologie Microbienne de Lyon (UMR 5557 USC 1364)-Univ. Lyon 1 43 Boulevard du 11 Novembre 1918 69622 Villeurbanne,
6. Chambre Régionale d'Agriculture du Centre-13 Avenue des Droits de l'Homme 45000 Orléans,
7. UMR Sciences Action Développement Activités Produits Territoires (UMR 1048)-Bât. EGER BP01 78850 Thiverval-Grignon,
8. UMR Biologie et Gestion des Risques en Agriculture (UMR 1290)-Bât. BIOGER CPP avenue Lucien Brétignières BP01 78850 Thiverval-Grignon,
9. Chambre d'Agriculture du Loir-et-Cher-11 Rue Louis Joseph Philippe 41000 Blois,
10. Chambre d'Agriculture de l'Indre-24 Rue des Ingrains 36000 Châteauroux,
11. UMR Agronomie (UMR 0211)-Bât. EGER avenue Lucien Brétignières 78850 Thiverval-Grignon,
12. FDGEDA du Cher-2701 Route d'Orléans 18230 St Doulchard,
13. UMR Centre d'Ecologie et de Sciences de la Conservation (UMR 7204) - 55 rue Buffon 75005 Paris,
14. Chambre d'agriculture du Loiret-21 Bis Rue des Hauts Champs 45380 Chapelle St Mesmin,
15. UMR Laboratoire d'Economie Appliquée de Grenoble (UMR 1215)-Univ. Pierre Mendès France BP47 38040 Grenoble Cedex 09,
16. Chambre d'Agriculture de l'Eure-5 rue de la Petite Cité BP 882 27008 Evreux,
17. Chambre d'Agriculture de Seine et Marne-418 rue Aristide Briand 77350 Le-Mée-Sur-Seine.

Résumé

Le projet Wheatamix étudie l'intérêt des associations variétales de blé pour renforcer la multifonctionnalité et la résilience des systèmes agricoles dans le Bassin parisien, dans le contexte du changement global. WHEATAMIX s'intéresse à l'impact de cette diversité intra-spécifique sur la stabilité des rendements et autres services écosystémiques rendus à l'échelle de l'exploitation agricole.

Le projet vise d'une part à caractériser la diversité génétique pour des traits morphologiques et écophysiologiques clefs du blé ainsi que leur plasticité sous l'effet d'une compétition intra- et inter-genotypes. Les relations entre traits et performances des génotypes en association sont analysées en développant une approche expérimentale et par modélisation.

D'autre part, le projet quantifie les services écosystémiques fournis par les associations variétales : production de grain, sa qualité et sa stabilité, régulation des maladies foliaires, bio-contrôle des insectes et des mauvaises herbes, maintien de la fertilité des sols et conservation de la biodiversité. L'analyse des trade-offs et synergies entre ces services et les liens entre groupes de services et les traits des variétés permettront de comprendre l'impact de la diversité génétique pilotée sur le fonctionnement agroécologique d'une parcelle, en intégrant la biodiversité sauvage associée.

Ce projet illustre l'originalité de l'approche transdisciplinaire et l'importance du dialogue entre généticiens, agronomes, écophysiologistes, phytopathologistes, écologues, économistes, chercheurs en sciences de la gestion et acteurs de la filière (chambre d'agriculture, agriculteurs).

Références bibliographiques

<http://www6.inra.fr/wheatamix>

Mots-clés

mélange variétal, fitness, compétition, synergie, diversité génétique, *Triticum aestivum*

5. Structure génétique de populations en limite d'aire de répartition : exemple du Pélodytes ponctué (*Pelodytes punctatus*)

Leslie Faucher¹, Hénocq Laura¹, Vanappelghem Cédric², Rondel Stéphanie³, Quevillart Robin⁴, Godé Cécile¹ & Arnaud Jean-François¹

1. UMR CNRS 8198 – Université Lille 1 Sciences et Technologies 59655 Villeneuve d'Ascq, France
2. Conservatoire d'unespaces naturels Nord-Pas de Calais
3. Centre Permanent d'Initiatives pour l'Environnement - Chaîne des Terrils
4. Groupe Ornithologique et Naturaliste du Nord

Résumé

Les flux géniques sont un paramètre clé pour le maintien de populations interconnectées. Ils permettent de contrecarrer les effets de la dérive génétique qui tend à diminuer les niveaux de diversité génétique au sein des populations, affectant alors le potentiel adaptatif des espèces. Les populations présentant des effectifs restreints sont plus sensibles à la dérive génétique. C'est le cas des populations situées en limite d'aire de répartition pour lesquelles il est donc essentiel de préserver les flux géniques existants. Cette étude se focalise sur les populations d'un amphibien, le Pélodytes ponctué, dans sa limite d'aire de répartition localisée en Région Nord-Pas de Calais. Comme pour la majorité des amphibiens, la dispersion de cette espèce est très dépendante des éléments du paysage. L'étude de la structure génétique des populations permet ici d'aborder l'impact des différentes matrices paysagères rencontrées dans la région sur les flux géniques et plus généralement sur la dynamique des populations dans leur limite d'aire de répartition. Un total de 289 individus échantillonnés dans 39 sites ont été génotypés sur 22 locus microsatellites. Une forte différenciation génétique des populations a été mise en évidence, suggérant des patrons de flux géniques extrêmement réduits. Des analyses de clustering Bayésien suggèrent toutefois (i) une ancestrité commune pour la grande majorité des sites prospectés, ceci à l'échelle de l'ensemble de la région Nord Pas-de-Calais, et (ii) une divergence génétique très prononcée de certaines populations, résultats évocateurs d'évènements de fondation liés aux activités humaines. L'ensemble de ces résultats sont discutés en termes de capacité de dispersion de l'espèce, des éléments du paysage facilitant ou non la connectivité entre sites, et de définition d'unités de conservation prioritaires.

Mots-clés

amphibiens, limite d'aire de répartition géographique, flux géniques, structuration génétique, fragmentation

6. Variations phénotypiques versus homogénéité génétique : une étude à grande échelle de serpents marins Néo-Calédoniens

Thomas Foucart, Nicolas Bech, Thomas Fauvel, François Brischoux, Didier Bouchon, Xavier Bonnet

Résumé

Les caractéristiques biogéographiques des populations sont influencées à la fois par leurs histoires démographiques, les facteurs environnementaux et les histoires de vie des espèces. Chez les organismes hautement philopatrics, les populations distribuées à travers de larges zones géographiques devraient présenter des particularités génétiques et phénotypique en réponse aux facteurs locaux. Nous avons examinés l'histoire démographique, la structure génétique et la taille corporelle moyenne (un phénotype clef) de colonies disjointes de serpents amphibiens hautement fidèles à leurs sites de vie (tricot rayé jaune, *Laticauda saintgironsi*) et dispersés sur de petits îlots coralliens à travers le lagon Sud de Nouvelle-Calédonie. Nos résultats suggèrent un évènement de colonisation majeur associé à une expansion génétique rapide ayant eu lieu durant le Pléistocène moyen. Aujourd'hui, la taille corporelle moyenne de l'espèce varie de manière importante entre les différentes colonies, suggérant que chacune est relativement indépendante et montre des traits spécifiques. Cependant nos données révèlent une absence totale de structure génétique entre les populations sans appauvrissement génétique depuis la population fondatrice. Un système très particulier de reproduction se cache sous ce résultat inattendu. Les femelles gestantes issues des colonies éparées à travers le lagon convergent sur quelques sites communs pour pondre leurs œufs à proximité de la côte, à partir desquels les nouveau-nés se disperseront dans le lagon pour s'installer et se développer sur leur nouvel îlot, alimentant ainsi les populations via un recrutement malléable. Ce processus permet l'homogénéisation génétique de l'ensemble de la zone. Cependant, comme les serpents adultes sont fortement philopatrics, la variation de taille des individus d'une colonie à l'autre reflète l'influence des conditions locales sur le phénotype des individus. Ce système similaire à celui décrit chez une variété de poissons n'avait cependant pas été décrit encore chez les Amniotes.

Mots-clés

Structure génétique, microsatellites, écologie marine, reproduction, reptiles

7. Isolement reproductif entre espèces de chênes blancs Européens : quantification de barrières post-zygotiques au niveau d'hybrides de première génération

Pauline Garnier-Géré^{1,2}

1. INRA, UMR 1202 Biodiversité, Gènes & Communautés, F- 33610 Cestas, France
2. Univ. Bordeaux, UMR1202 Biodiversité Gènes & Communautés, Bordeaux, F-33400 Talence, France

Résumé

Les connaissances sur la nature, la force et les bases génétiques de l'isolement reproductif entre espèces de chênes blancs européens (*Quercus petraea* et *Q. robur*) sont très récentes et encore partielles. En effet, les recherches de ces 20 dernières années se sont surtout concentrées sur l'estimation de taux d'hybridation, et leur signification dans un modèle d'établissement de nouveaux peuplements et de dynamique d'introgession, malgré un consensus général sur la divergence écologique entre espèces. Ces résultats ont conduit à l'idée que les barrières reproductives étaient « faibles » en accord avec une faible divergence moléculaire^{1,2}, et des publications récentes mettent toujours en avant des « flux de gènes généralisés » ou bien “des flux de gènes actuels et récurrents » entre ces espèces^{3,4}. En parallèle, une expérience récente de croisements contrôlés entre ces espèces a permis de montrer la force, la nature multicaractère et la plasticité de l'isolement reproductif pour des traits pré- et post-zygotiques⁵. Les hybrides issus de ces croisements ont été plantés dans un test randomisé et les premiers résultats de leurs performances (viabilité, croissance, tolérance aux pathogènes) comparativement aux génotypes parentaux sont présentés. Ces résultats sont discutés en cohérence avec une vision à plus long terme de flux de gènes réalisés, qui semblent inférieurs à ce qui est communément suggéré sur l'ensemble de la distribution de l'espèce.

Références bibliographiques

1. Petit, R.J., Bodénès, C., Ducouso, A., Roussel, G. & Kremer, A. 2004. Hybridization as a mechanism of invasion in oaks. *New Phytol.* 161: 151–164.
2. Lexer, C., Kremer, A. & Petit, R.J. 2006. Shared alleles in sympatric oaks: recurrent gene flow is a more parsimonious explanation than ancestral polymorphism. *Mol. Ecol.* 15: 2007–2012.
3. Lepais, O. & Gerber, S. 2011. Reproductive patterns shape introgression dynamics and species succession within the european white oak species complex. *Evolution* 65: 156–170.
4. Lepais O, Roussel G, Hubert F, Kremer A, Gerber S (2013) Strength and variability of postmating reproductive isolating barriers between four European white oak species. *Tree Genetics and Genomes*, 9, 841–853.
5. Abadie P, Roussel G, Dencausse B, Bonnet C, Bertocchi E, Louvet J-M, Kremer A, Garnier-Géré P (2012) Strength, diversity and plasticity of postmating reproductive barriers between two hybridizing oak species (*Quercus robur* L. and *Quercus petraea* (Matt) Liebl.). *J Evol Biol* 25:157–173.

Mots-clés

spéciation écologique, barrières post-zygotiques, chênes blancs

8. Structure génétique de populations natives et nouvellement fondées chez le crapaud calamite (*Bufo calamita*) en région Nord-Pas-de-Calais

[Laura Hénocq¹](#), [Leslie Faucher¹](#), [Cédric Vanappelghem²](#), [Stéphanie Rondel³](#), [Robin Quevillart⁴](#), [Cécile Godé¹](#) & [Jean-François Arnaud¹](#)

1. UMR CNRS 8198 – Université Lille 1 Sciences et Technologies 59655 Villeneuve d’Ascq, France
2. Conservatoire d’espaces naturels Nord-Pas de Calais
3. Centre Permanent d’Initiatives pour l’Environnement- Chaîne des Terrils4 Groupe Ornithologique et Naturaliste du Nord

Résumé

Les zones littorales du Nord-Pas de Calais sont constituées d’une mosaïque de milieux naturels très variés mais fortement soumis à des perturbations liées aux activités humaines, provoquant une fragmentation des habitats naturels. Paradoxalement, l’anthropisation croissante depuis le dernier siècle a également créé de nouveaux habitats propices à la colonisation par des espèces pionnières, dans une certaine mesure au cours de l’exploitation industrielle mais de façon beaucoup plus intense après son abandon. Les activités minières et connexes ont ainsi conduit à la mise en place d’habitats secondaires d’origine purement anthropique fournissant un ensemble de conditions favorables à la reproduction d’espèces d’amphibiens. Parmi eux, le crapaud calamite qui, initialement localisé au sein de populations originelles situées dans des habitats littoraux et prairiaux, a progressivement colonisé les habitats industriels lors de leur exploitation puis après leur abandon dans le secteur du bassin minier du Nord de la France. Cette étude cherche ainsi (i) à contraster les niveaux de diversité génétique et de différenciation génétique neutre des populations littorales et des populations de l’intérieur des terres, tout en cherchant à identifier le lien historique entre les populations de ces deux zones (ii) à comprendre comment s’établissent les flux géniques dans ces deux zones et (iii) à explorer la relation entre la connectivité, les tailles efficaces et les niveaux de consanguinité rencontrés en populations. Nous n’avons pas mis en évidence un lien récent entre les populations littorales et les populations du bassin minier, et les dynamiques de populations semblent très contrastées entre ces deux zones, notamment en termes de flux géniques. Les résultats concernant les populations de l’intérieur des terres suggèrent un impact marqué de la fragmentation du paysage sur la structure des populations et probablement sur les niveaux de consanguinité.

Mots-clés

Fragmentation, connectivité, structuration génétique, taille efficace, consanguinité individuelle, diversité génétique

9. Next-generation sequencing identified thousands of SNPs for assessing hybridization between common and narrow-leaved ashes

[Damien D. Hinsinger](#), [Nathalie Frascaria-Lacoste](#), [Juan Fernandez-Manjarres](#)

Laboratoire Ecologie, Systématique, Evolution, UMR 8079, Bât. 360, Université Paris-Sud, 91405 Orsay Cedex, France

Résumé

In forest trees, large contact zones usually exist as a result of broad geographical ranges, high outcrossing rates and long-distance pollen flow. In order to detect and study the causes and extent of hybridisation, markers widespread in the genome are needed. Despite the development of several microsatellites and sequences loci in *Fraxinus excelsior* L. (common ash) and *Fraxinus angustifolia* Vahl (narrow-leaved ash), only a large view could be assessed. Moreover, emergent concerns such as the pathogenic fungi *Hymenoscyphus fraxineus* (the agent of chalarose) or the Emerald Ash Borer (*Agrilus planipennis*, Buprestidae) require thousands of loci to efficiently identify tolerant individuals. Next-Generation Sequencing (N.G.S.) could help to detect natural variations (SNPs and indels) to product genomic resources that could be then used to address fundamental, assisted selection or conservation questions. Sequencing pools of individuals from the three subspecies of *F. angustifolia*, we identified variation occurring only in this species, plus those differentiating the three subspecies. The results and potential applications are discussed.

Mots-clés

Fraxinus angustifolia - hybridization - SNP - reticulate evolution

10. Localisation des endosymbiotes du puceron du pois, *Acyrtosiphon pisum* par la méthode fish

Thibaut Jousseaume, Sylvie Hudaverdian, Akiko Sugio, Jean-Christophe Simon

UMR 1349 IGEPP, INRA, 35653 Le Rheu, France, thibaut.jousseaume@gmail.com,
sylvie.hudaverdian@rennes.inra.fr , 02.23.48.51.64, akiko.sugio@rennes.inra.fr , 02.23.48.51.53,
jean-christophe.simon@rennes.inra.fr, 02.23.48.51.54

Résumé

Les associations symbiotiques entre insectes et micro-organismes sont très courantes dans la nature. Dans la majorité des cas, l'hôte est infecté par plusieurs endosymbiotes pouvant interagir avec l'organisme porteur. *Acyrtosiphon pisum*, le puceron du pois, héberge un symbiote obligatoire, *Buchnera aphidicola* localisé dans des cellules spécialisées appelées bactériocytes. Ce symbiote est transmis verticalement au cours des générations et est essentiel pour la croissance et la reproduction du puceron. Le puceron héberge également très fréquemment un ou plusieurs symbiotes dits facultatifs tel que *Regiella insecticola*, qui, dans certains cas, protège l'hôte des attaques de champignons pathogènes et dans d'autres, augmente les performances des pucerons porteurs sur certaines plantes. Bien que les symbiotes facultatifs soient majoritairement transmis verticalement (parents-descendants), des cas de transferts horizontaux ont été décrits sans qu'on connaisse très bien les mécanismes sous-jacents. Dans cette étude, nous posons l'hypothèse que la transmission des symbiotes facultatifs peut s'effectuer de puceron à puceron par la plante via les sécrétions émises par les glandes salivaires. En effet les glandes salivaires, reliées aux canaux d'alimentation du puceron, permettraient d'injecter les symbiotes au sein du phloème de la plante lors de la nutrition. Les techniques de biologie moléculaire, comme la PCR quantitative, nous renseigne de manière très limitée sur la répartition spatiale des partenaires bactériens. Seules des analyses histologiques peuvent localiser précisément les symbiotes ainsi que leur distribution au sein de l'hôte. Une méthode d'hybridation in situ par fluorescence a été utilisée pour détecter les différentes espèces bactériennes au sein de plusieurs tissus grâce à différents fluorochromes. Cette technique a permis de détecter et de localiser au sein des glandes salivaires, dans 50% des cas la bactérie symbiotique facultative *Regiella*, mais aussi de manière surprenante *Buchnera* dans 60% des cas. Les symbiotes facultatifs semblent également être localisés à l'interface glande principale/glande accessoire. Ces résultats confortent l'idée d'une acquisition des symbiotes facultatifs via la plante, hypothèse qu'il sera nécessaire de vérifier en recherchant les bactéries dans les plantes hôtes des pucerons.

Mots-clés

Symbiose - *Buchnera aphidicola* - *Regiella insecticola* - FISH - Glandes salivaires

11. Rôle de la bactérie endosymbiotique *Midichloria mitochondrii* sur son hôte, la tique *Ixodes ricinus*

Cindy Laurence, Agnès Bouju, Axelle Durand, Olivier Plantard

Résumé

Un grand nombre d'espèces d'arthropodes est concerné par des interactions symbiotiques avec des micro-organismes ayant des conséquences sur divers traits d'histoire de vie de leur hôte (reproduction, nutrition, défense face à des ennemis naturels...). La tique *Ixodes ricinus* un vecteur d'agents pathogènes important en santé humaine et animale, héberge *Midichloria mitochondrii* qui est un endocytobioté appartenant au groupe des alphaprotéobactéries, [1] présente dans plus de 99% des femelles de populations sauvages. Cependant, les conséquences de la présence de cette bactérie sur la biologie des tiques ne sont absolument pas connues. Au cours d'une première expérience, nous avons cherché à déterminer leur rôle sur la fécondité et la survie de femelles gorgées à travers l'injection d'un antibiotique visant à réduire le nombre de *Midichloria* [3]. Par comparaison avec les témoins, les deux doses d'antibiotiques utilisées n'ont pas permis de mettre en évidence d'effet sur la fécondité (masse d'œufs pondus) ou la survie des femelles. Il est possible que l'antibiotique n'ait finalement pas eu d'effet réel sur la diminution de la quantité de *Midichloria* dans les tiques. Dans une deuxième expérience, nous avons quantifié par PCR quantitative [2] le nombre de *Midichloria* chez des nymphes (stade sexuellement immature) avant et après gorgement. La connaissance de la masse des nymphes et des mesures morpho-métriques a permis de mettre en évidence une différence très nette du nombre de *Midichloria* chez des nymphes prédites comme mâles et femelles respectivement. Les enseignements tirés de ces expériences permettent de proposer une nouvelle stratégie d'utilisation des antibiotiques susceptible d'améliorer leur efficacité et de mieux comprendre la cinétique de *Midichloria* au cours du cycle de son hôte.

Références bibliographiques

1. Beninati, T., N. Lo, L. Sacchi, C. Genchi, H. Noda, and C. Bandi. 2004. A Novel Alpha-Proteobacterium Resides in the Mitochondria of Ovarian Cells of the Tick *Ixodes ricinus*. *Appl. Environ. Microbiol.* 70: 2596–2602.
2. Sassera, D., N. Lo, E. A. P. Bouman, S. Epis, M. Mortarino, and C. Bandi. 2008. "Candidatus *Midichloria*" Endosymbionts Bloom after the Blood Meal of the Host, the Hard Tick *Ixodes ricinus*. *Appl. Environ. Microbiol.* 74: 6138–6140.
3. Zhong, J., A. Jasinskas, and A. G. Barbour. 2007. Antibiotic Treatment of the Tick Vector *Amblyomma americanum* Reduced Reproductive Fitness. *PLoS ONE.* 2: e405

Mots-clés

interactions durables, fitness, alphaprotéobactérie, vecteur, acarien

12. Modélisation de la compétition pour la lumière à l'intérieur d'un peuplement multivariétal de blé

Christophe Lecarpentier^{*1}, *Romain Barillot*², *Isabelle Goldringer*¹, *Bruno Andrieu*², *Jérôme Enjalbert*¹

1. UMR de génétique végétale, INRA – UPS – CNRS – AgroParisTech, Ferme du Moulon, 91190 Gif-sur-Yvette, France
2. Institut National de la Recherche Agronomique, Unité Environnement et Grandes Cultures, 78850 Thiverval-Grignon, France

Résumé

La stochasticité climatique et la baisse des intrants, de plus en plus nécessaire, viennent progressivement accroître l'hétérogénéité environnementale. Et pour faire face à l'intensité croissante des stress biotiques et abiotiques, l'augmentation de la diversité génétique cultivée est une des options prometteuses.

Une augmentation de la diversité génétique à l'intérieur des parcelles peut permettre de mieux contrôler les épidémies (Tooker and Frank, 2012) d'augmenter le rendement (Smithson and Lenne, 1996), tout en stimulant les services écosystémiques (Chateil *et al.*, 2013). Malgré les nombreux travaux scientifiques illustrant l'effet positif des associations variétales sur le contrôle des maladies, peu d'auteurs ont étudié l'impact de la diversité génétique d'une parcelle sur la stabilité des rendements dans un contexte de stochasticité environnementale accrue. La conception des mélanges est historiquement reliée à la phytopathologie menant à l'insertion de variétés à phénotypes peu contrastés. Les interactions entre plantes de phénotypes très contrastés sont par conséquent peu connues.

Afin d'explorer cette question, nous développons un modèle capable de simuler le fonctionnement de peuplements de blé génétiquement hétérogènes du semis à la production de grains, centré sur les mécanismes de compétition pour la lumière. Les leviers majeurs de l'adaptation de la croissance du blé à la compétition pour la lumière sont un ajustement (1) du nombre de talles (2) de la surface foliaire (Ljutovac, 2002). Cette plasticité de développement a une influence critique sur la fitness de chaque plante, approximée par un nombre de grains produits.

Des essais ayant pour but de quantifier cette plasticité de développement ont été mis en place en tenant compte de différentes situations de compétition pour la lumière : des compétitions intra-génotypique, en faisant varier la densité de semis, et des compétitions inter-génotypiques avec semis de mélanges de semences contenant des génotypes à phénotypes très contrastés. Nous présenterons les résultats de ces expérimentations, qui illustrent l'importance des variations de plasticité phénotypique, à la fois sur le tallage et les surfaces foliaires, entre génotypes chez le blé tendre.

A partir de cette expérimentation, les fonctions de régulation ont été intégrées dans un modèle architecturé 3D, en cours de développement. Nous présenterons les premiers résultats de simulations du modèle, permettant i) de valider les mécanismes de régulation insérés dans le modèle en cours de développement, ii) de comprendre l'impact des traits architecturaux sur l'élaboration de la fitness, et iii) d'explorer des stratégies d'optimisation du couvert pour l'utilisation de l'énergie lumineuse.

Nous discuterons également l'intérêt de l'intégration de processus écophysologiques dans les modèles de génétique des populations afin de tester l'impact des différences d'architectures et des stratégies de colonisation de l'espace sur le maintien de la diversité génétique et phénotypique au cours des générations.

Références bibliographiques

- [1] Tooker J.F., Frank S.D., 2012. Genotypically diverse cultivar mixtures for insect pest management and increased crop yields. *Journal of Applied Ecology* 49(5), 974-985.
- [2] Smithson J.B., Lenne J.M., 1996. Varietal mixtures : a viable strategy for sustainable productivity in subsistence agriculture. *Annals of Applied Biology* 128(1), 127-158.
- [3] Chateil C., Goldringer I., Tarallo L., Kerbiriou C., Le Viol I., Ponge J.F., Salmon S., Gachet S., Porcher E., 2013. Crop genetic diversity benefits farmland biodiversity in cultivated fields. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 171, 25-32.
- [4] Ljutovac S., 2002. Coordination dans l'étension des organes aériens et conséquence pour les relations entre les dimensions locales des organes chez le blé. Ph.D. thesis.

Mots-clés

modélisation, compétition pour la lumière, mélange variétal blé tendre

13. Modéliser la dynamique respiro-fermentaire de *Saccharomyces cerevisiae* pour comprendre l'évolution des stratégies d'histoire de vie

[Judith Legrand¹](#), [Dorian Collot¹](#), [Thibault Nidelet²](#), [Delphine Sicard²](#)

1. UMR de génétique végétale, INRA/CNRS/Université Paris-Sud
2. Sciences pour l'œnologie, INRA/Supagro/Université Montpellier 1

Résumé

La valeur sélective des individus est reliée à plusieurs traits mais, du fait de contraintes physiques et biologiques, la sélection ne permet pas de maximiser tous ces traits en même temps. Aussi, pour étudier les processus adaptatifs, il est nécessaire de prendre en compte plusieurs caractères et leurs interactions. Nous nous intéressons à l'évolution des stratégies d'histoire de vie de la levure *Saccharomyces cerevisiae* et notamment à plusieurs traits métaboliques caractérisant les phases de fermentation et de respiration (vitesse de consommation des ressources, rendement biomasse/ressource,...). Deux stratégies d'histoire de vie « types » ont été identifiées : de grosses cellules se reproduisant lentement en consommant rapidement les ressources et de petites cellules se reproduisant rapidement en consommant les ressources plus efficacement. L'évolution vers l'une ou l'autre des ces stratégies dépend du milieu d'évolution. Afin de déterminer quels traits d'histoire de vie jouent sur la valeur sélective, nous avons construit un modèle mathématique pour la croissance de population de levure en fermentation et respiration. Nous avons montré qu'il est possible d'estimer les paramètres du modèle à partir de données observées au laboratoire pour différentes souches. Une analyse de sensibilité permet de quantifier l'influence des paramètres aux différentes phases métaboliques. Une version multi-souches du modèle est développée pour prédire les résultats de compétitions entre deux souches ayant des stratégies d'histoire de vie différentes et comprendre quels traits d'histoire de vie influencent la valeur sélective.

Références bibliographiques

1. Spor, A., Wang, S., Dillmann, C., De Vienne, D. & Sicard, D. "Ant" and "grasshopper" life-history strategies in *Saccharomyces cerevisiae*. PLoS one 3, e1579 (2008).
2. Spor, A. et al. Niche-driven evolution of metabolic and life-history strategies in natural and domesticated populations of *Saccharomyces cerevisiae*. BMC evolutionary biology 9, 296 (2009).
3. Spor, A. et al. Phenotypic and Genotypic Convergences Are Influenced By Historical Contingency and Environment in Yeast. Evolution 68, 3 (2014)

Mots-clés

life-history strategies, population dynamics, mathematical modeling, evolution

14. Deux éléments transposables fortement dérégulés chez les hybrides issus de deux espèces sœurs de *Drosophila*

[Hélène Lopez-Maestre¹](#), [Elias Gutierrez Carnelossi^{1,2}](#), [Claudia Marcia Carareto²](#), [Vincent Lacroix¹](#), [Cristina Vieira¹](#)

1. Université de Lyon, F-69000, Lyon; Université Lyon 1; CNRS, UMR5558, Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive, F-69622, Villeurbanne, France
2. UNESP – São Paulo State University, Laboratory of Molecular Evolution, Department of Biology, 15054-000 São José do Rio Preto, São Paulo, Brazil

Résumé

Les éléments transposables (ET) sont des séquences d'ADN répétées capables de transposer et présentes chez la quasi totalité des organismes. Leur activité a un impact considérable sur le génome hôte et son évolution. Plusieurs études ont ainsi proposé que les ET puissent jouer un rôle lors de l'hybridation entre différentes espèces. En effet on a pu observer des *burst* de transposition chez les hybrides interspécifiques de différents organismes : chez des plantes, chez des wallabys, ainsi que chez des drosophiles.

Ces études restent néanmoins élément spécifiques et ne s'intéressent pas à l'ensemble des ET des espèces étudiées. Nous nous intéressons ici à l'activité des ET de manière globale, à l'échelle du transcriptome.

Drosophila mojavensis et *D. arizonae* sont deux espèces endémiques du sud-ouest des États-Unis et du Mexique ayant divergé très récemment (moins d'un million d'années). Nous avons établi les croisements réciproques entre ces deux espèces, puis séquencé (technologie Illumina) les transcriptomes du tissu germinale femelle pour 30 individus de chaque lignée parentale et chacune des deux lignées hybrides. Notre approche globale conduit ainsi à l'analyse de l'expression des gènes et des ET dans les deux espèces parentales et les hybrides.

Nos résultats montrent une différence d'expression des ET chez les lignées parentales, suggérant ainsi une différence du nombre de copies actives de ces éléments et/ou une différence de régulation des ces éléments.

Chez les hybrides l'expression des éléments transposables reste proche de celle des lignées parentales et seuls deux ET montrent une activation importante. L'élément Copia1 est largement sur-exprimé chez les hybrides issus d'une mère *D. mojavensis*. Un élément de la famille des gypsy est lui très fortement exprimé chez les hybrides issus d'une mère *D. arizonae*.

Nos résultats ne montrent pas d'activation globale des ET chez les hybrides de *D. mojavensis* et *D. arizonae*, mais une forte dérégulation de quelques éléments en particulier.

Par ailleurs, d'autres travaux sont en cours pour déterminer le rôle des piARN dans la régulation des éléments transposables au sein de nos lignées hybrides.

Mots-clés

éléments transposables ; hybride ; drosophile ; transcriptome ; RNAseq

15. Evolution de la parthénogénèse chez la fourmi *Cataglyphis cursor*: reconnaissance de la ponte d'ouvrières dans les colonies à reine

[Anna Mazaleyrat](#)¹, [Thibaud Monnin](#)¹, [Claudie Doums](#)^{2,3}

1. Institut d'Écologie et des Sciences de l'environnement de Paris UMR 7618, Université Pierre et Marie Curie, Paris, France
2. École Pratique des Hautes Études, 4-14 rue Ferrus, Paris, France
3. ISYEB, UMR 7205 CNRS UPMC Muséum national d'Histoire naturelle, Département Systématique et Évolution, Paris, France

Résumé

Chez la majorité des insectes sociaux, bien que la reine soit principalement responsable de la ponte, les ouvrières ont généralement des ovaires fonctionnels leur permettant de produire des mâles par parthénogenèse arrhénotoque et entraînant ainsi des conflits pour la reproduction. Ces conflits peuvent être encore plus intenses chez les quelques rares espèces où les ouvrières sont également capables d'utiliser la parthénogenèse thélytoque. Chez la fourmi *Cataglyphis cursor*, les ouvrières utilisent la thélytoque dans les colonies orphelines (sans reine) pour produire de nouvelles reines¹. Elles ne semblent pas se reproduire en présence de reine. Néanmoins, une étude récente suggère qu'elles pourraient tout de même essayer². L'avantage potentiel pour une ouvrière produisant une jeune reine par thélytoque est énorme car elle deviendrait en quelque sorte reine elle-même. En revanche, d'un point de vue collectif, du fait que la reine s'accouple avec plusieurs mâles mais produise les jeunes reines par thélytoque³, les ouvrières ont intérêt d'élever les filles de la reine ($r = 0.5$) plutôt que celles des autres ouvrières ($r \approx 0.4$). L'objectif de ce travail est donc d'évaluer la ponte des ouvrières en présence d'une reine. Des différences morphologiques entre les œufs de reines et d'ouvrières avaient été soulignées⁴. Nous avons donc effectué des mesures de longueur d'œufs sur huit colonies séparées en deux groupes, l'un avec reine et l'autre sans dès la sortie d'hivernation (au moment où les œufs produits donneront les mâles et jeunes reines) sur une durée de sept semaines (les œufs des deux dernières semaines devant donner des ouvrières). Si des ouvrières « tricheuses » sont présentes dans les colonies, nous devrions détecter leurs œufs uniquement au moment de la production des mâles et jeunes reines. Nos résultats ont confirmé que les œufs pondus par les ouvrières sont 30 % plus longs que ceux produits par la reine dans les huit colonies. Cela nous a permis d'identifier un faible pourcentage d'œufs d'ouvrières dans quatre des colonies avec reine. Comme prédit, ces œufs d'ouvrières n'ont été observés que lors des deux premières semaines, montrant ainsi que les ouvrières n'essayent de se reproduire qu'au moment de la production des jeunes reines. La prochaine étape sera d'évaluer les mécanismes de « worker policing »⁵ qui pourraient être à l'origine de la faible fréquence de ponte d'ouvrières.

Références bibliographiques

1. Chéron, B., Monnin, T., Fédérici, P., Doums, C., 2011. Variation in patriline reproductive success during queen production in orphaned colonies of the thelytokous ant *Cataglyphis cursor*. *Molecular Ecology*, 20, pp. 2011-2022.
2. Doums, C., Cronin, A.L., Ruel, C., Fédérici, C., Haussy, C., Tirard, C., & Monnin, T., 2013. Facultative use of thelytokous parthenogenesis for queen production in the polyandrous ant *Cataglyphis cursor*. *Journal of Evolutionary Biology*, 26, pp. 1431-1444.
3. Pearcy, M., Aron, S., Doums, C. & Keller, L., 2004. Conditional use of sex and parthenogenesis for worker and queen production in ants. *Science*, 306, pp. 1780-1782.
4. Cagniant, H., 1982. La parthénogenèse thélytotique et arrhénotoque chez la fourmi *Cataglyphis cursor* fonscolombe (Hymenoptera, Formicidae). Etude des œufs pondus par les reines et les ouvrières : morphologie, devenir, influence sur le déterminisme de la caste reine. *Insectes sociaux*, 29, pp. 157-188.
5. Ratnieks, F. L. W., 1988. Reproductive harmony via mutual policing by workers in eusocial hymenoptera. *American Naturalist*, 132, pp. 217-236

Mots-clés

insectes sociaux, *Cataglyphis cursor*, parthénogenèse, reproduction des ouvrières, worker policing

16. *Xanthomonas arboricola*, espèce bactérienne phytopathogène hébergeant des souches non pathogènes, présente une structure de population « épidémique »

[Deborah Merda](#)^{1,2,3}, [J.F. Guimbaud](#)^{1,2,3}, [S. Bonneau](#)^{1,2,3}, [C. Lemaire](#)^{1,2,3}, [M.A. Jacques](#)^{1,2,3}, [M. Fischer-Le Saux](#)^{1,2,3}

1. INRA, UMR1345 Institut de Recherche en Horticulture et Semences, Beaucouze', France
2. Université d'Angers, UMR1345 Institut de Recherche en Horticulture et Semences, SFR4207 QUASAV, PRES L'UNAM, Angers, France,
3. AgroCampus-Ouest, UMR1345 Institut de Recherche en Horticulture et Semences, Angers, France,

Résumé

L'émergence de nouvelles maladies représente un problème majeur dans les agroécosystèmes. Certains agents pathogènes appartiennent à des espèces qui abritent également des populations d'individus sans pouvoir pathogène avéré. Chez les bactéries, les transferts horizontaux de gènes sont d'autant plus fréquents, que les souches sont phylogénétiquement proches. Il est alors probable que ces souches pathogènes et non pathogènes s'échangent du matériel génétique lorsqu'elles se retrouvent en sympatrie. Ces échanges peuvent correspondre au transfert d'îlots de pathogénie dans le fond génétique d'une souche non pathogène, et conduire potentiellement à l'émergence de nouvelles maladies. Ainsi, connaître les mécanismes évolutifs ayant conduit à la mise en place de ces deux types de populations permettrait de comprendre l'histoire des émergences des agents pathogènes dans les agroécosystèmes et mieux appréhender ce risque. Le genre *Xanthomonas* est un genre bactérien composé d'espèces phytopathogènes. Parmi celles-ci, l'espèce *X. arboricola* est composée de 9 pathovars attaquant des hôtes variés chaque pathovar regroupe un ensemble de souches provoquant le même type de symptômes sur une même gamme de plantes hôtes. Cependant, il existe aussi dans cette espèce des souches sans pouvoir pathogène avéré. L'étude de la structure génétique de cette espèce basée sur 7 gènes de ménage et 188 individus montre que majoritairement les souches pathogènes se structurent en fonction de leur hôte d'isolement, ce qui n'est pas observé pour les souches non pathogènes. Les analyses phylogénétiques et de génétique des populations montrent que les 3 pathovars hautement agressifs, pv. pruni, pv. juglandis et pv. corylina (agents pathogènes du genre *Prunus*, *Juglans* et *Corylus* respectivement) représentent trois clones épidémiques qui auraient une origine commune. A l'opposé, un polymorphisme important et une absence de signal phylogénétique liés à des événements de recombinaison fréquents sont retrouvés chez les souches sans pouvoir pathogène avéré. Ces résultats semblent montrer que l'espèce *X. arboricola* présenterait une structure de population « épidémique » comme définie par Maynard-Smith *et al.*^{1,2}, composée en toile de fond d'un réseau de souches non pathogènes recombinant fréquemment à partir duquel aurait émergé des clones épidémiques. Des analyses génomiques permettront d'étudier ce scénario évolutif et de préciser les événements génomiques ayant conduit à l'émergence des trois clones épidémiques majeurs de cette espèce.

Références bibliographiques

1. Maynard Smith J. Smith N.H., O'Rourke M., Spratt B.G. 1993. How clonal are bacteria ? Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 90:4384-4388
2. Maynard-Smith, J., Feil, E.J., Smith, N.H., 2000. Population structure and evolutionary dynamics of pathogenic bacteria. Bioessays 22, 1115– 1122.

Mots-clés

Xanthomonas arboricola, émergence, génétique des populations

17. Predicting the stability of complex social phenotypes

Charles Mullon¹, Laurent Keller², Laurent Lehmann³

1. Department of Ecology and Evolution, University of Lausanne, Switzerland
2. Laurent Keller, Department of Ecology and Evolution, University of Lausanne, Switzerland
3. Laurent Lehmann, Department of Ecology and Evolution, University of Lausanne, Switzerland

Résumé

Social phenotypes are often complex, emerging from the joint evolution of multiple characters. If a body of work has studied the joint evolutionary convergence of social traits, the stability of complex social phenotypes remains elusive. That is, once a population has reached a fitness optimum, does it remain monomorphic, with variation due to a balance between selection and mutation, or does it become polymorphic through evolutionary branching, leading to the co-existence of distinct social phenotypes? In order to answer this question, we developed analytical tools to study the evolution of multiple phenotypic traits under limited dispersal. Since social interactions tend to occur locally in space, limited dispersal, and consequentially the tendency for genetically similar individuals to interact with one another, is an important ingredient in social evolution. Our method builds on a microscopic, individually based population genetic model to track the changes in the variance in, and covariance among, trait values over time. From these changes, we are able to explicitly predict the conditions that lead to either stability or evolutionary branching in multiple traits, and study the effects of limited dispersal on these different outcomes. Analyses reveal how limited dispersal, by influencing local genetic variance-covariance, has profound consequences for the stability of complex social phenotypes. Depending upon the effect of the traits on the social interaction, and the nature of the interaction, limited dispersal promotes either stability or evolutionary branching. Furthermore, the model allows us to investigate the evolution of the covariance between dispersal strategies and other traits, and we find that when dispersal also evolves, selection on dispersal exaggerates the effects of local genetic variance-covariance on stability. The variance-covariance in traits that we estimate is analogous to the additive genetic variance-covariance matrix (G) of quantitative genetics, and therefore our method can be used to study the evolution of G under limited dispersal, an important and topical problem. Ultimately, by unifying the fields of population genetics, adaptive dynamics and quantitative genetics, the framework we have developed enables one to predict whether multiple social traits are stable or unstable, and in the former case can be used to estimate the stable level of covariance between social traits under limited dispersal. This will be helpful to understand the natural variation in dispersal syndromes and complex social phenotypes.

Mots-clés

Social evolution, limited dispersal, evolutionary branching, G matrix, behavioral syndromes

18. Distribution of pearl millet genetic diversity among ethno-linguistic group in the lac Chad basin

Abdel Kader Naino Jika^{1,3} , *A. Luxereau*², *Y. Dussert*^{1,4}, *A. Snirc*¹, *T. Adam*³ et *T. Robert*^{1,4}.

1. Univ.Paris-Sud
2. CNRS-MNHN
3. Univ. A. Moumouni, Niamey
4. Univ. Pierre et Marie Curie 064

Résumé

We have investigated the relationships between the genetic structure of pearl millet landraces and the ethno-linguistic groups to whose farmers belong in the lake Chad Basin. Pearl millet genetic diversity was assessed on the basis of 17 microsatellite markers and on 69 populations representing overall 32 local landraces. Bayesian inferences revealed the existence of six genetic clusters. Results show a clear genetic differentiation between populations grown on each side of the lake Chad. Moreover, in the west side of the lake, the spatial distribution of these genetic clusters showed a strong coincidence with the geographic distribution of ethno-linguistic groups. This result could be surprising since pearl millet is an outcrossing species and because pollen may disperse over long distances. In addition seed exchanges among ethnic groups have been demonstrated to occur. Our results nevertheless demonstrated that this seed flow does not necessarily involve effective gene flow and that strong social “barriers” may limit exchanges of varieties, and therefore further genetic introgression, by the choice of seeds that will participate to next generation. This is in agreement with anthropologic inquiries that stress strong cultural preferences for landraces that have always been grown by ancestors.

Mots-clés

pearl millet population genetic structure gene flow seed exchanges genetic resources genetic diversity cultural diversity landraces Lake Chad Basin

19. L'analyse génétique des parasites agricoles : le cas "Chanchito blanco" du Chili

Margarita C.G. Correa¹, Ferran Palero², Eric Lombaert², Didier Crochard², Andrés Alvear³ Tania Zaviezo¹ & Thibaut Malausa²

1. Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile, Casilla 306-22, Santiago, Chile.
2. Institut National de la Recherche Agronomique, UMR ISA INRA/UNSA/CNRS, Equipe BPI. 400, route des Chappes. BP 167. 06903 Sophia-Antipolis, France.
3. Xilema - Anasac. Ruta 60-CH. Km 24.3. Quillota. Chile.

Résumé

Les cochenilles (Pseudococcidae) sont de véritables parasites agricoles, causant de lourdes pertes économiques de milliards de dollars par an dans le monde. *Pseudococcus viburni* ou "Chanchito Blanco" est le genre de pseudococcid plus abondant et largement distribués au Chili, infestant les vignobles et les vergers. Dans la présente étude, la diversité génétique et la structure des populations de *P. viburni* est estimée à l'aide de plusieurs marqueurs. Les marqueurs microsatellites utilisés ont permis l'identification des groupes génétiques cryptiques au sein des populations de *Pseudococcus viburni* chilien. Nous avons observé de très faibles valeurs de la diversité génétique dans toutes les populations étudiées, bien que les deux valeurs de FST et DST aient montré une différenciation significative entre les populations. La combinaison des valeurs basses de diversité et haute différenciation suggère que la dérive génétique domine le flux de gènes dans ces populations. La méthode sPCA, à travers la définition d'un réseau de connectivité optimale, nous a permis d'explorer plus en détail les tendances de la variabilité génétique. Les résultats aideront à améliorer la gestion de ce ravageur en intégrant l'information génétique et géographique.

Mots-clés

parasites agricoles, Pseudococcidae, génétique des populations

20. Investigation of the diversity of African rices resistance against Rice yellow mottle virus (RYMV)

Hélène Pidon, Alain Ghesquière, Laurence Albar

1. IRD, UMR 232 DIADE, 911 avenue Agropolis / BP 64501 / 34394 Montpellier cedex 5 / France

Résumé

The Rice yellow mottle virus (RYMV) is one of the main pathogens of rice in Africa. Both partial and complete resistance sources have been found in Asian and African cultivated rices (respectively *Oryza sativa* and *O. glaberrima*). Even though *O. glaberrima* has a much lower genetic diversity than *O. sativa*, it presents a striking higher diversity in major resistance to RYMV. More than 10 % of the *O. glaberrima* accessions screened are highly resistant but only two resistant *O. sativa* accessions are known so far, despite large screening in that species. Besides, at least three independent major genes were found in *O. glaberrima* whereas we only know one resistance gene to RYMV in *O. sativa*. The first major resistance gene identified is RYMV1, a translation initiation factor which confers a broad-range recessive resistance. A single resistance allele was observed in two *O. sativa* spp. *indica* accessions and three others in *O. glaberrima*. Two more genes conferring complete resistance to RYMV, RYMV2 and RYMV3, were also found in *O. glaberrima*. RYMV2 provides a recessive resistance associated with a putative regulator of active defense mechanisms. RYMV3 controls a dominant resistance and is currently under fine mapping. This contrast between the two species raises two questions: (i) Can we find the same richness in *O. glaberrima* partial resistance to RYMV? (ii) Considering that the expansion of RYMV is assumed to be posterior to the *O. sativa* introduction in Africa, what evolutionary mechanism explain this difference between the two species? Thanks to a large-scale France Génomique rice sequencing project (IRIGIN), we will study the partial resistance of *O. glaberrima* through a GWAS. We are currently developing the phenotypic test and assessing the resistance range available in *O. glaberrima*. The IRIGIN project involves our lab and includes the sequencing of 168 *O. glaberrima* accessions (of which 141 non-highly resistant ones) and 85 wild African rices (*O. barthii*). The access to these sequences will also allow us to investigate the evolutionary mechanism of this resistance. To do so, we will carry out genetic sequences analysis on the loci and genes associated with both partial or high resistances in wild and cultivated rices. We will begin by studying RYMV1 gene as a previous studies (Charron *et al.* Plant J, 2008) had successfully looked for selection in translation initiation factors known to be involved in pepper/potyvirus interaction.

Mots-clés

rice, genetic resources, resistance genes, GWAS, selection

21. Caractéristiques de la génétique des populations partiellement asexuées

Katja Reichel, Jean-Pierre Masson, Solenn Stoeckel

INRA, UMR1349 IGEPP, F-35653 Le Rheu, France

Résumé

Les organismes partiellement asexués sont très fréquents et/ou importants dans la plupart des écosystèmes. Nous nous attachons à comprendre comment les modes de reproduction partiellement asexués impactent la diversité génétique.

Pour ce faire, nous utilisons des modèles mathématiques stochastiques qui permettent de formaliser l'évolution des pools génotypiques aux cours des générations. L'analyse numérique des résultats de ces modèles montrent que les populations sexuées, asexuées et partiellement asexuées suivent des trajectoires évolutives différentes. Nous comparons la perte de la diversité allélique dans les populations partiellement asexuées à celles obtenues en populations purement sexuées et asexuées. Nous analysons également la dynamique de retour à la distribution stationnaire obtenue sous mutation et dérive de leur diversité génétique après un évènement démographique type goulot d'étranglement ou de sélection ponctuelle très forte.

Ces résultats permettent de discuter de l'intérêt de prendre en compte les modes de reproduction dans les études de génétique des populations.

Mots-clés :

génétique des populations, clonalité, mode de reproduction

22. Phenology of Mediterranean Octocorals, a new marker to study the impact of climate change in coastal environment.

Marine Rejon, D. Aurelle, S. Chenesseau, B. Millet, F. Zuberer, I. Pivotto, Ereskovsky

Institut Méditerranéen de Biodiversité et diologie marine et continentale (IMBE), Aix Marseille université, CNRS, IRD, Avignon université. France

Résumé

Climate change is already well visible in the marine environment through warming and acidification. Phenology is the study of the occurrence of reproductive, morphological and physiological events during the life cycle and their periodic changes in response to seasonal climate variations. Therefore the phenology is an early marker of the adaptive response of organisms to environmental change. This project aims to study the impact of environmental fluctuations on the phenology of the red gorgonian *Paramuricea clavata* (Anthozoa, Octocorallia) in marine coastal waters of NW of Mediterranean Sea and their potential responses facing climate change. We studied the phenology and reproduction of this species in different thermal regime. This was coupled with a population genetic analysis to precise the genetic context of the observed differences. The interpretation of the results is done at light of local thermal and hydrological conditions. Sampling was performed monthly from June 2011 to July 2013 at 20 m and 40 m on depth in two main study sites in the Bay of Marseille (France). The phenological study was performed on 40 marked colonies. The genetic study is based on these colonies and on 32 random additional samples from the targeted populations. *P. clavata* is an oviparous, gonochoric, iteroparous species that reproduces annually and characterized by a single annual maturation of the gametes. The sex ratio is different between 20 m and 40 m. Spermatogenesis extends from April to mid-July. Oogenesis began in March and ended in July. Synchronous spawning for both sexes was observed in mid July. Fecundity (potential reproductive capacity of an individual or population) shows decreased with depth for both sites and sexes. The reproductive effort (proportion of energetic resources of an individual or population invested in the reproduction) increased asymptotically during spermatogenesis while it did not follow a clear trend for oogenesis. During the genetic of population study, two new potential genetic markers (microsatellites) were found. The study of the genetic structure of these populations allowed us to precise population limits and to interpret results in light of this structure. The study of the temperature data shows that the two depths studied are generally located at the base of the thermocline. Nevertheless cases where both depths were separated by the thermocline were also observed. Modeling hydrological studies shows a possibility of connexion between the regions of Riou sud, Veyron, the Frioul Island, the bay of Casis, the Cap Canaille and the Calanque depending of the regime of dominant wind (NW, SE and SW). We discuss the perspective of the projects for a better understanding of the potential adaptation of these organisms to climate change. This work is a contribution to the Labex OT Med (no ANR 11 LABX-0061).

Mots-clés

Phenology, *Paramuricea clavata*, Genetic structure, Climate change, Mediterranean Octocorals

23. Genetic structuration and hybridization concerning two species of *Jaera albifrons* complex

Ambre Ribardière

Résumé

One main problem of speciation research is to understand the origins of reproductive barriers that may prevent gene flow. Speciation is often studied in the wild in hybrid zones, allowing the study of gene flow between partially isolated populations. *Jaera albifrons* (Leach, 1814) is a complex of five species in which several barriers to reproduction are active, with varying intensity depending on the population considered. Indeed, morphological hybrids have been determined in the 80's in some populations. To test this hypothesis that is based on morphological criteria only, we described the distribution of genetic variance between species *Jaera albifrons* and *Jaera praehirsuta* using nuclear and mitochondrial markers in several sites where hybridization is or isn't suspected (in Normandy and Brittany, respectively). This study shows that the nuclear genome of the species *albifrons* and *praehirsuta* have much more genetic homogeneity in Normandy than in Brittany. Interspecific gene flow thus seems indeed much more important in the population where hybridization was suspected, pointing to a reduction of isolating barriers (environmental, behavioral, and genetic) in this region. Furthermore, two microsatellite markers showed a very peculiar pattern of genetic structure, suggesting a role for indirect selection.

Mots-clés

species complex, *Jaera albifrons*, hybridization, reproductive barriers

24. Evolution des réseaux de gènes : simulations informatique et génétique quantitative

Estelle Runneburger, Arnaud Le Rouzic

CNRS, UPR 9034, Laboratoire Evolution, Génome et Spéciation - Université Paris Sud

Résumé

Le déterminisme génétique des caractères quantitatifs est un phénomène complexe englobant à la fois l'organisation sous-jacente des gènes impliqués et des effets environnementaux. Notre étude combine une approche théorique via des simulations informatiques et des analyses de génétique quantitative (héritabilité, robustesse...) pour essayer de déterminer l'impact de l'architecture des réseaux de gènes sur leur propre évolution, ainsi que sur l'évolution du phénotype résultant. Plus spécifiquement, nous nous intéressons aux différents paramètres d'un réseau de régulation qui sont susceptibles d'influer son évolution, qu'il s'agisse de paramètres topologiques (taille, connectivité...) ou de paramètres rendant compte des interactions géniques (effets de dominance, épistasie, etc.). Les simulations effectuées montrent que le choix du modèle de réseau (formalisme mathématique) peut affecter les propriétés évolutives de l'architecture génétique.

Mots-clés

génétique quantitative réseaux de gènes architecture génétique

25. Nouvelles avancées sur l'origine évolutive de la tolérance aux métaux chez l'espèce pseudométallophyte *Arabidopsis halleri* : que nous apprennent les populations non métalliques ?

[Dima Souleman¹](#), [Claire-Lise Meyer²](#), [Loïc Briset²](#), [Nathalie Verbruggen²](#), [Hélène Frérot¹](#)

1. Laboratoire Génétique et Evolution des Populations Végétales, UMR CNR 8198, Bâtiment SN2, Université Lille 1, 59655 Villeneuve d'Ascq Cedex, France Email : demasouleman@yahoo.com
2. Laboratoire de Physiologie et Génétique Moléculaire des plantes, Bâtiment BC, Campus Plaine, Université de Bruxelles, 1050 Bruxelles, Belgique

Les métaux lourds peuvent être émis dans l'air sous forme de très fines particules qui finissent par retomber sur le sol, mais ils peuvent aussi être présents dans les déchets miniers et industriels déposés à la surface des sols. Certaines plantes sont adaptées à cette contamination, et sont dites tolérantes aux métaux. Parmi ces espèces, certaines sont également hyperaccumulatrices de métaux dans leurs parties aériennes, c'est le cas d'*Arabidopsis halleri* (Brassicacée), qui hyperaccumule le zinc et le cadmium. L'identification des gènes impliqués dans la tolérance et l'hyperaccumulation permettrait de bien comprendre les mécanismes évolutifs impliqués dans l'adaptation aux milieux anthropisés. Un croisement BC1 entre *A. halleri* et une proche parente non tolérante (*A. lyrata petraea*) a permis d'identifier plusieurs QTL pour la tolérance et l'accumulation du Zn et du Cd (Courbot *et al.* 2007, Willems *et al.* 2007, Frérot *et al.* 2010, Willems *et al.* 2010). Ces études ont cependant utilisé un seul individu d'*A. halleri* provenant d'une population métallique. Or des études récentes de phylogéographie (Pauwels *et al.* 2005, Pauwels *et al.* 2012) et de phénotypage en milieux contrôlés (Pauwels *et al.* 2005, Meyer *et al.* 2010, Meyer *et al.* submitted) ont montré que plusieurs unités génétiques existaient au sein de l'aire de distribution de cette espèce, que les populations métalliques étaient fondées de manière indépendantes à partir des populations non-métalliques les plus proches géographiquement et qu'il existait une grande variabilité de tolérance entre les populations. Nous avons donc voulu tester si l'architecture génétique de la tolérance au Zn et Cd étaient la même dans une population non-métallique. Pour cela nous avons produit un nouveau croisement BC1 entre un individu *A. halleri* d'une population non-métallique et *A. lyrata petraea*. Nous avons ainsi identifié plusieurs QTL de tolérance au Zn et Cd dont certains co-localisent avec ceux obtenus dans les études précédentes et d'autres non. Ces résultats suggèrent différents mécanismes de tolérance au sein de l'espèce et une évolution des bases génétiques dans les milieux métallifères. L'acquisition secondaire de la tolérance et de l'hyperaccumulation lors de la colonisation des sites pollués est en cours d'étude grâce à un croisement intraspécifique *A. halleri* métallique x *A. halleri* non métallique.

Mots-clés

tolérance, métaux lourds, *A. halleri*

26. Expression et régulation des génomes A et B dans une population de blé tétraploïde (*Triticum turgidum*) à base génétique large

[Constance Vagne¹](#), [B. Fontez²](#), [M. Tavaud-Pirra¹](#) and [J. David¹](#)

1. Montpellier SupAgro, UMR AGAP, F-34060 Montpellier, France, constance.vagne@supagro.inra.fr
muriel.tavaud@supagro.inra.fr, jacques.David@supagro.inra.fr
2. Montpellier SupAgro, UMR Mistea, F-34060 Montpellier, France, benedicte.fontez@supagro.inra.fr

Résumé

La plupart des espèces de plantes à fleurs ont au moins connu un ancien évènement de polyploïdisation) dans leur histoire évolutive¹. Quand l'évènement de polyploïdisation provient de l'hybridation de deux parents d'espèce différente (allopolyploïdie), la fusion des deux génomes au sein d'un seul individu entraîne une myriade de processus conduisant à des changements au niveau de l'expression des gènes parentaux² perte de gènes, sub-fonctionnalisation, modification des marques épigénétiques, etc. Parmi ces processus, certains ont lieu juste après la polyploïdisation, d'autres émergent beaucoup plus tard. Par ailleurs, il a pu être mis en évidence des biais d'expression chez les allopolyploïdes, c'est-à-dire qu'un génome peut être plus exprimé qu'un autre. Par exemple, chez le blé tendre, le génome D est sous-exprimé par rapport aux génomes A et B³. Nous avons voulu déterminer si, au stade de germe, il existait un tel biais d'expression entre les génomes A et B chez le blé tétraploïde (*Triticum turgidum*). Nous nous sommes également intéressés aux régulations trans chez cette espèce, c'est-à-dire aux effets d'un gène sur l'expression d'un autre gène. Comme le blé tétraploïde est une espèce autogame, il est possible qu'il ait développé des combinaisons d'allèles coadaptés – présentant notamment de l'épistasie positive – lors de son évolution. Cette coadaptation pourrait se manifester par de la régulation entre gènes, notamment entre gènes homéologues. Par ailleurs, on appelle dominance fixée le phénomène chez les autogames qui permet de convertir les interactions entre locus homologues (dominance) en interactions entre locus homéologues (épistasie)^{4,5}. Des données de RNAseq ont été obtenues par la technologie Illumina sur 177 individus provenant d'une population de blé tétraploïde à base génétique large (*Triticum turgidum*). Cette population est issue de croisement entre des variétés de blé dur (*Triticum turgidum durum*) et les ancêtres sauvages et les premières formes domestiquées de blé dur (*Triticum turgidum diccocoïdes* et *Triticum turgidum diccococum*). La population a évolué depuis 15 générations sous un régime de reproduction mixte grâce à un gène de stérilité mâle. Les données de RNAseq ont été mappées sur une base de données de séquences codantes (avec UTR) de blé tendre (*Triticum aestivum aestivum*), Ensembl⁶ afin notamment d'identifier les gènes homéologues. Cela nous a permis d'obtenir environ 62 000 contigs dont l'expression normalisée (rpkm = reads per kilobase per million) est disponible pour chaque individu. Sur ces 62 000 contigs, 15 223 présentent un ou plusieurs SNP. Les résultats indiquent qu'il y a légèrement plus de gènes exprimés sur le génome B que sur le génome A, et cela de manière significative. Par ailleurs, il semblerait que le génome A joue un rôle de régulateur du génome B puisqu'il y a plus d'effets trans dans le sens A vers B que l'inverse. Enfin, ces effets trans sont plus importants entre gènes homéologues qu'au sein d'une paire de gènes aléatoires, ce qui indique que les régulations ont lieu préférentiellement entre gènes homéologues. Cela pourrait indiquer qu'il existe de la dominance fixée chez le blé tétraploïde.

désistement

Références bibliographiques

1. Blanc, Guillaume, et Kenneth H. Wolfe. 2004. « Widespread Paleopolyploidy in Model Plant Species Inferred from Age Distributions of Duplicate Genes ». *The Plant Cell Online* 16 (7): 1667-1678. doi:10.1105/tpc.021345.
2. Adams, Keith L., et Jonathan F. Wendel. 2005. « Novel patterns of gene expression in polyploid plants ». *Trends in Genetics* 21 (10): 539-543. doi:10.1016/j.tig.2005.07.009.
3. Akhunova, Alina R., Rustam T. Matniyazov, Hanquan Liang, et Eduard D. Akhunov. 2010. « Homoeolog-Specific Transcriptional Bias in Allopolyploid Wheat ». *BMC Genomics* 11 (1): 505. doi:10.1186/1471-2164-11-505.
4. García, P., M. I. Morris, L. E. Sáenz-de-Miera, R. W. Allard, M. Pérez de la Vega, et G. Ladizinsky. 1991. « Genetic Diversity and Adaptedness in Tetraploid Avena Barbata and Its Diploid Ancestors Avena Hirtula and Avena Wiestii. » *Proceedings of the National Academy of Sciences* 88 (4): 1207-1211. doi:10.1073/pnas.88.4.1207.
5. Allard, R. W., P. García, L. E. Sáenz-de-Miera, et M. Pérez de la Vega. 1993. « Evolution of Multilocus Genetic Structure in Avena Hirtula and Avena Barbata. » *Genetics* 135 (4): 1125-1139.
6. Flicek, Paul, M. Ridwan Amode, Daniel Barrell, Kathryn Beal, Konstantinos Billis, Simon Brent, Denise Carvalho-Silva, et al. 2014. « Ensembl 2014 ». *Nucleic Acids Research* 42 (D1): D749 - D755. doi:10.1093/nar/gkt1196.

Mots-clés

polyploïdie, régulation, biais d'expression, expression, *Triticum turgidum*, épistasie