

Campus Paris Saclay

FONDATION DE COOPERATION SCIENTIFIQUE



Adaptation des insectes tropicaux face aux changements environnementaux : application aux vecteurs de la maladie de Chagas

Myriam HARRY

Equipe DEEIT : Diversité, Ecologie et Evolution des Insectes Tropicaux
UMR EGCE

Axe 2 - Capacités et limites d'adaptation des organismes, des écosystèmes et des sociétés aux changements globaux



Adaptation des insectes tropicaux face aux changements environnementaux

Objectifs

- Etudier les gènes et les mécanismes de régulation impliqués dans les processus adaptatifs au niveau des populations et des espèces
- documenter les relations entre la diversité génétique et l'adaptation à différentes échelles (biochimique, comportementale, morphologique)
- modéliser et prédire en fonction de l'environnement (changements de milieux anthropisés ou non) en termes d'évolution des génomes, des populations et des espèces



Axe 2 - Capacités et limites d'adaptation des organismes, des écosystèmes et des sociétés aux changements globaux

- Allocation Idex de thèse avec le soutien de BASC :

A. Marchant (2012-2015), Processus de domiciliation des vecteurs de la maladie de Chagas (Dir. M. Harry), ED SDV

-**Projet Brasland, Axe 2** : Génomique du paysage des populations de *T. brasiliensis* (M. Harry resp)

- Réseau HTS -**ADEFACE** (Adaptation des eucaryotes face aux changements environnementaux), BASC

Modèle :
Triatominae,
vecteurs de la
maladie de Chagas

Hemiptera, Reduviidae, Triatominae
140 espèces
Rhodnius (# 14 spp),
Triatoma (# 73 spp)
20-30 spp d'importance épidémiologique
(*Trypanosoma cruzi*)

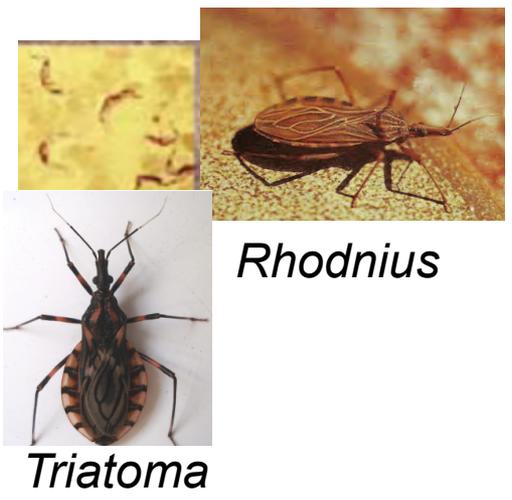


OMS 1980 : Amérique latine
16-18 millions de personnes infectées
90-100 millions de personnes à risque

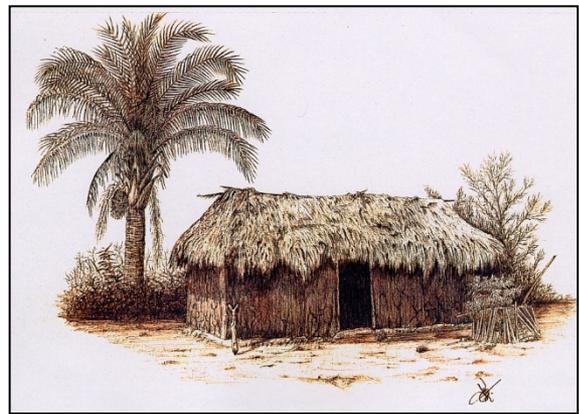
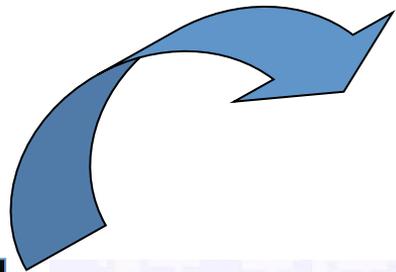
OMS 2006 :
9,8 millions de personnes infectées

Eradication de *R. prolixus* en
Amérique centrale et de *T. infestans*
au Brésil

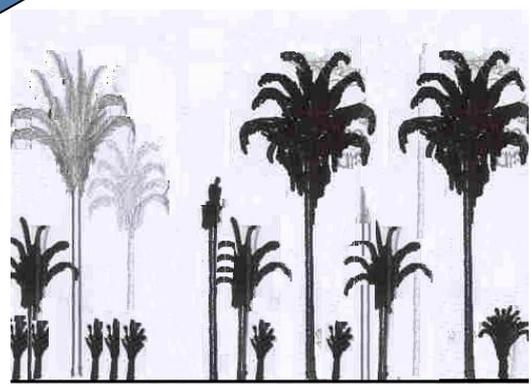




Processus de domiciliation



Environnement 2



Environnement 1

Comprendre le processus de domiciliation
afin de lutter plus efficacement contre les vecteurs

Environnement 1

Environnement 2

**Obj 1: Diversité neutre
Structure génétique des populations**

Obj 2: Diversité adaptative

Approches transcriptomiques

Assemblage de novo de transcriptomes

**Annotation génique
Recherche de gènes candidats**

Comparaison de profils d'expression

Approches génomiques

SNP, traces de sélection

**Obj 3 : Modèles Statistiques et prédictifs
d'évolution des populations, risques épidémiologiques**

Environnement 1

Environnement 2

Obj 1: Diversité neutre
Structure génétique des populations

Obj 2: Diversité adaptative

Approches transcriptomiques

Assemblage de novo de transcriptomes

**Annotation génique
Recherche de gènes candidats**

Comparaison de profils d'expression

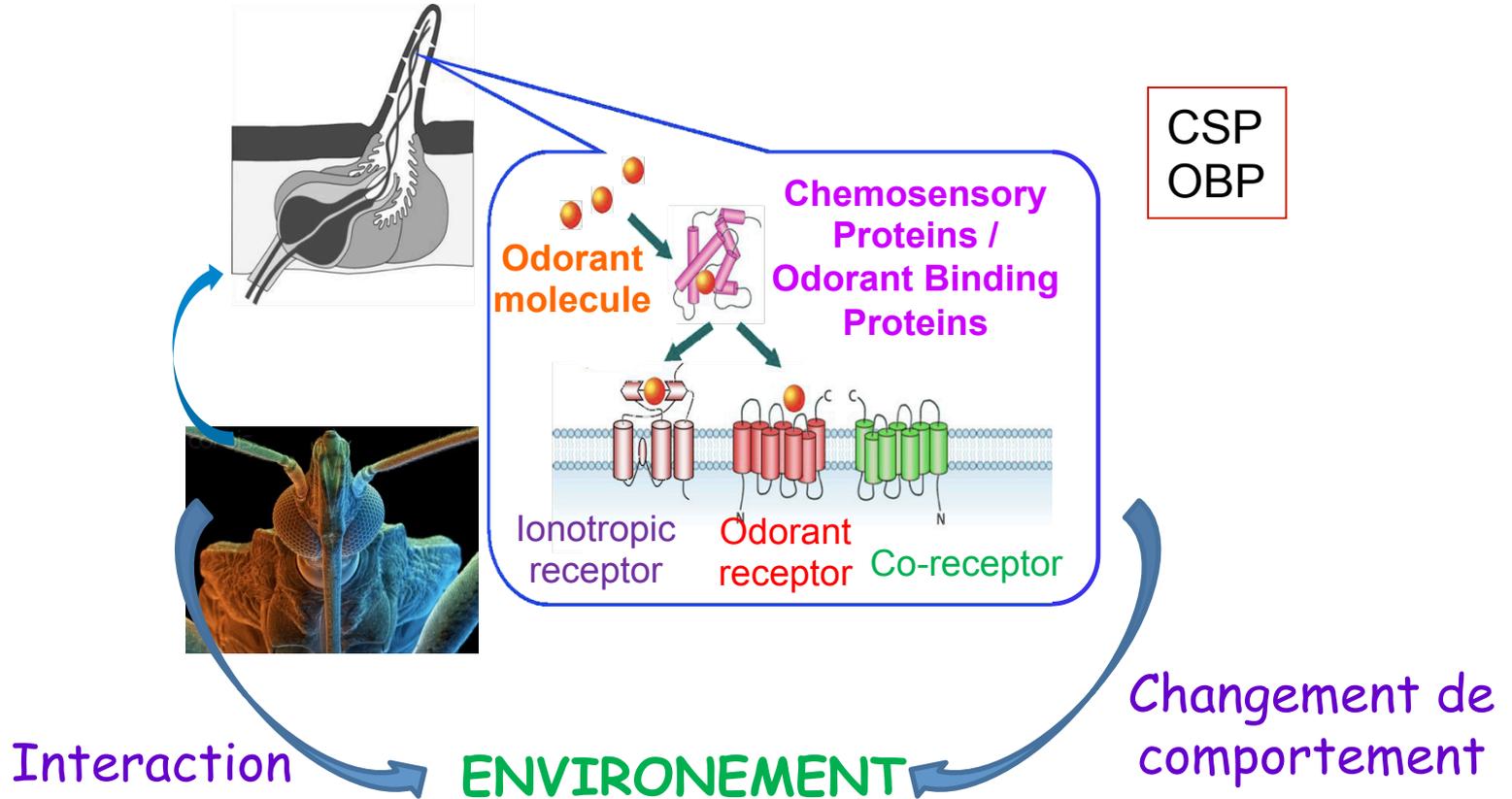
Approches génomiques

SNP, traces de sélection

Obj 3 : Modèles Statistiques et prédictifs
d'évolution des populations, risques épidémiologiques

Obj 2: transcriptomique

Recherche de gènes candidats :
gènes du système chimiosensoriel:



Rôle dans processus de domiciliation

Développer des méthodes alternatives de lutte (brouillage sensoriel)



Populations
sylvatiques
Pop F, Pop M

Populations
non sylvatique
Pop F, pop M



ARN Antennes, rostrés
(tête)

Rhodnius prolixus/ Triatoma brasiliensis

Triatoma brasiliensis

Transcriptome de référence
454 + Illumina
De novo/Mapping

Comparaison profils
d'expression

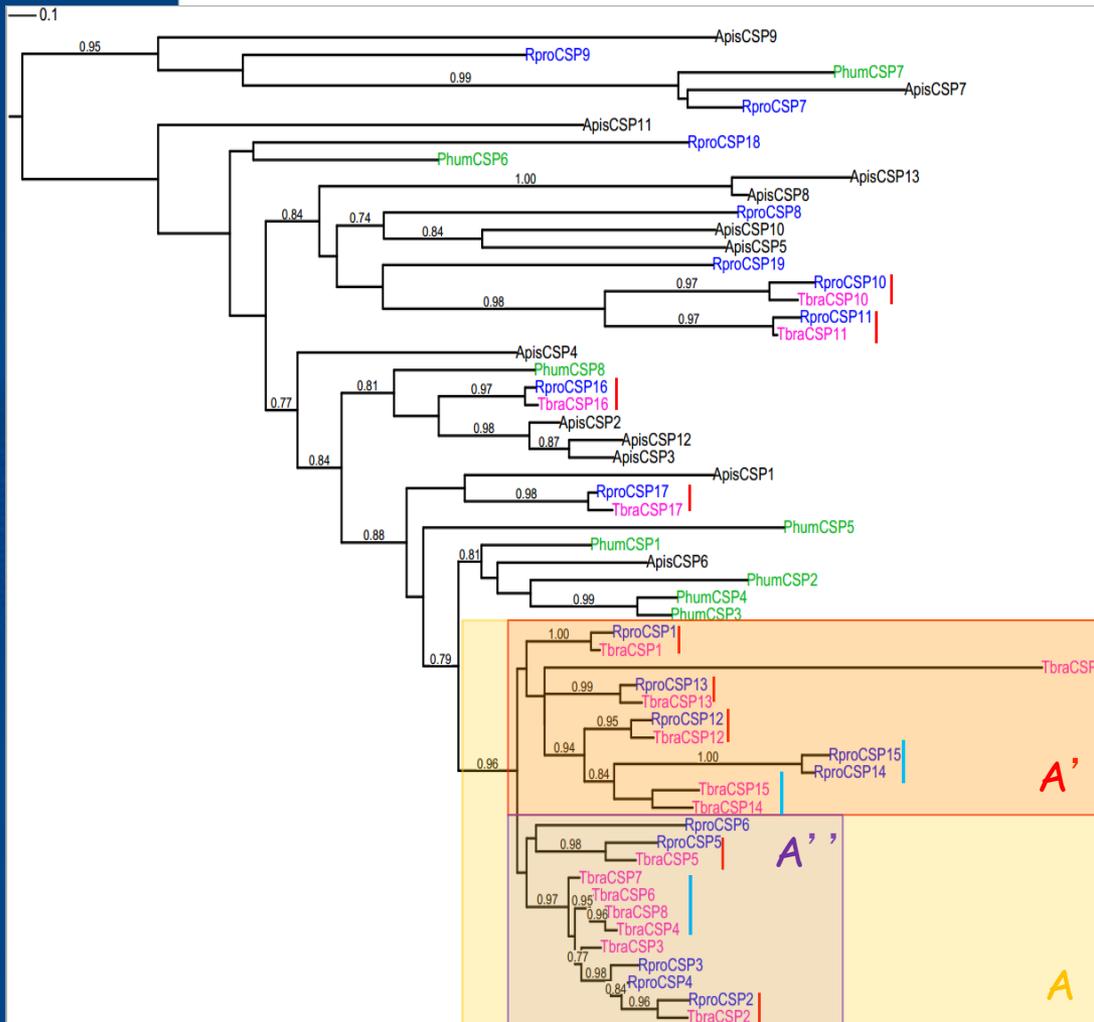
Recherche gènes
chimiosensoriels :

CSP : 19, R. pro /17, T. bra

OBP : 7, R. Pro / 9 T. bra

Pop sylvatiques/ pop domiciliées
1291 gènes différentiellement
exprimés dont :
OBP, OR, PBP (Pheromone-
binding proteins), Cyt P450:
(dégradation odorants), RNA-
binding proteins

Arbre des protéines chemosensorielles (CSPs) chez les *Paraneoptera*



T.bra : *T. brasiliensis* → 17 CSP

R.pro : *R. prolixus* → 19 CSP

A.pis : *A. pisum* → 13 CSP

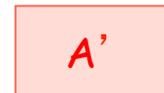
P.hum : *P. humanus* → 8 CSP



Clade spécifique à
R.pro et *T.bra*

Bien diversifié : → 10 CSP *R.pro*
→ 13 CSP *T.bra*

2 « sous-clades »:



Alignement avec MAFFT
Choix du meilleur modèle avec Prottest3 : LOG+G
Construction avec PhyML
Bootstrap > 70% (0.7) représentées

9 Orthologues
3 Paralogues à haute affinité

Environnement 1

Environnement 2

Obj 1: Diversité neutre
Structure génétique des populations

Obj 2: Diversité adaptative

Approches transcriptomiques

Assemblage de novo de transcriptomes

Annotation génique

Recherche de gènes candidats

Comparaison de profils d'expression

Approches génomiques

SNP, traces de sélection

Obj 3 : Modèles Statistiques et prédictifs
d'évolution des populations, risques épidémiologiques

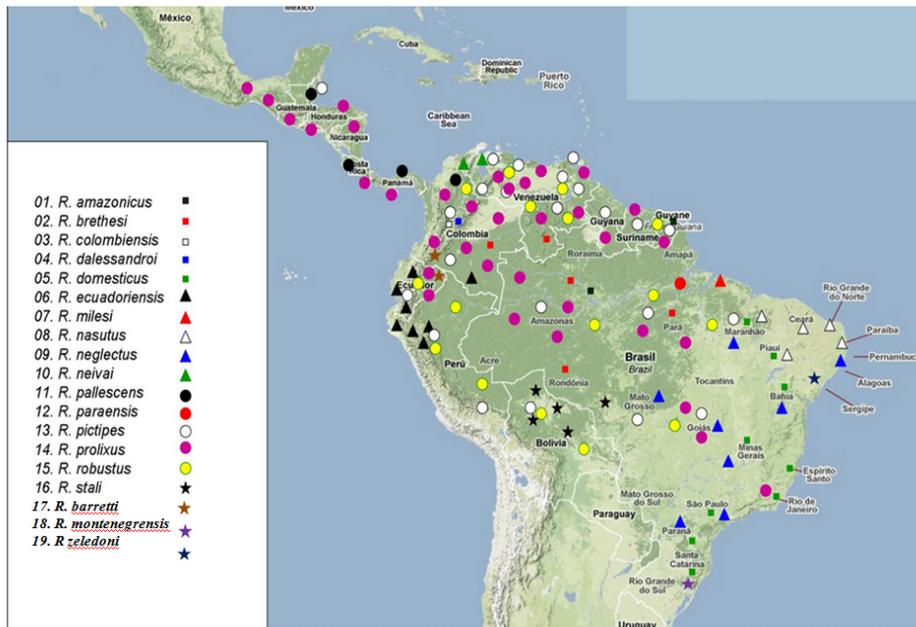
Obj 2: génomique

Objectifs

Recherche de traces de sélection et de SNP (gènes chemosensoriels)

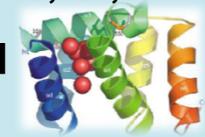
⇒ voir si la structuration observée des populations peut être expliquée par des adaptations à un environnement donné

⇒ prédire le devenir de cette structuration en fonction de différents scénarios de modification de l'environnement



33 génomes
pour 12 espèces de
Rhodnius
(Illumina, 15x)
9 transcriptomes)

Base de données
CSPs, OBPs, Or, GR

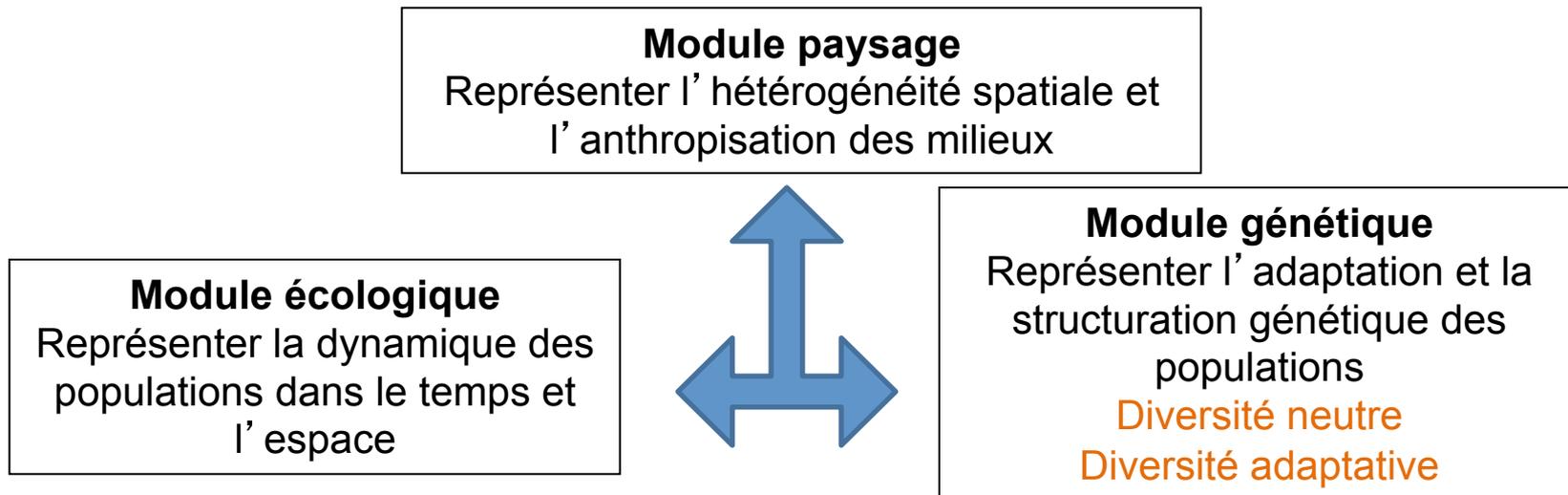


Tblastn

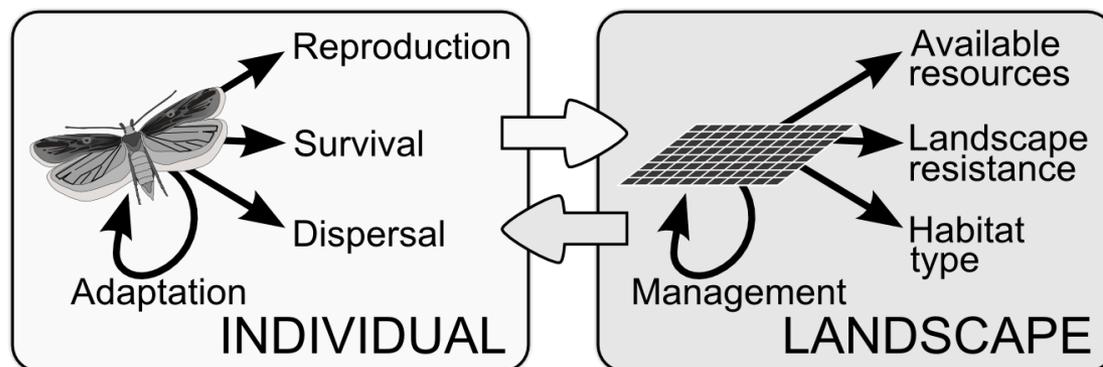
T. brasiliensis
(6 génomes,
9 transcriptomes)

Catalogue des familles multigéniques
Annotation
Variabilité
Evolution

Obj 3: Modèles statistiques et prédictifs



Approche de modélisation individu-centrée



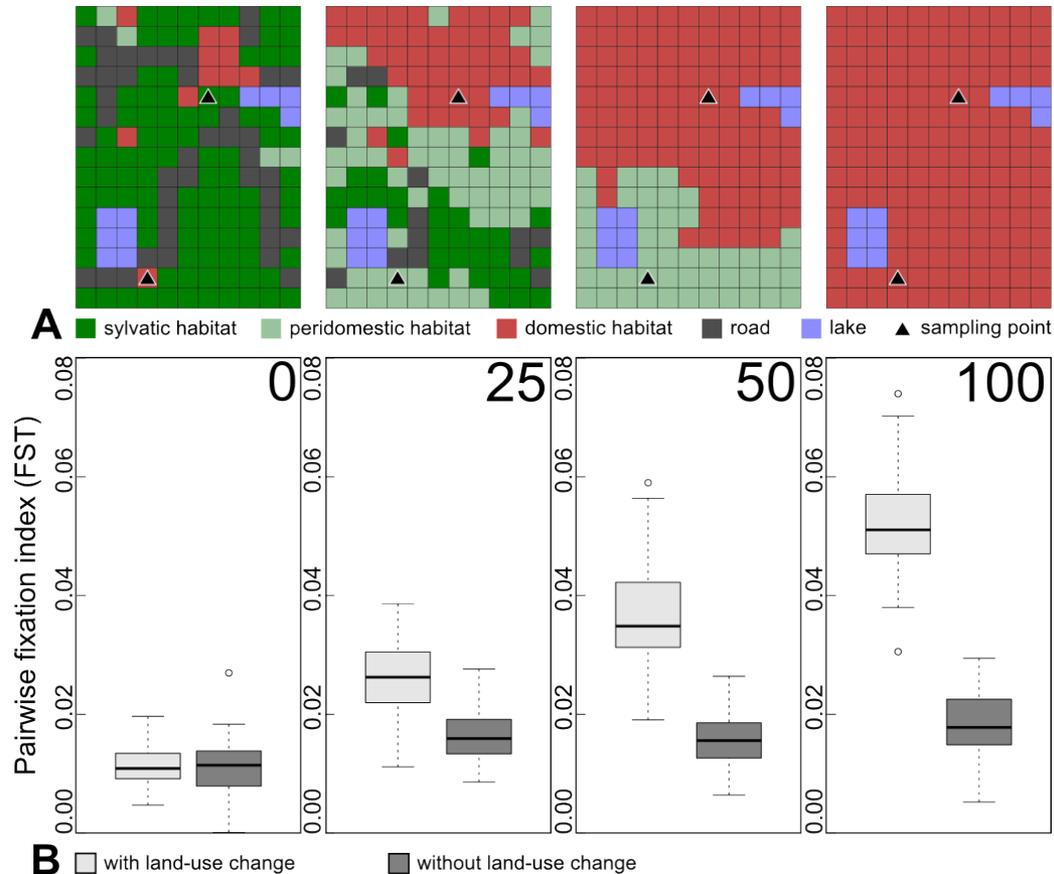
SIMADAPT

(Rebaudo et al. 2013, Methods in Ecology and Evolution)

=> utiliser des données environnementales et génétiques afin de modéliser et prédire l'effet des changements environnementaux en terme de risques épidémiologiques

SimAdapt

Cas d'étude : *T. brasiliensis*, données neutres (microsatellites) (Rebaudo et al., 2014)

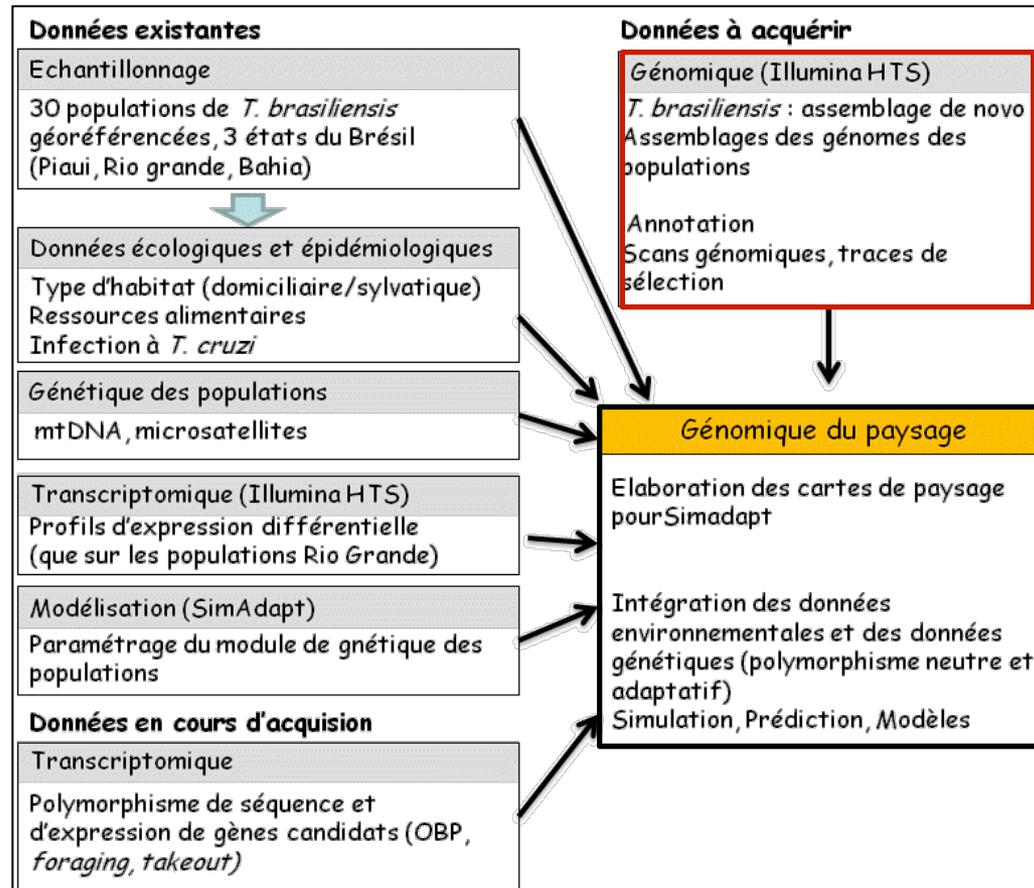


Comparaison des F_{ST} avec ou sans modification de l'usage du sol

L'impact de l'urbanisation sur le comportement de dispersion des insectes favoriserait une plus forte structuration génétique

Projet Brasland

M.HARRY, A. MARCHANT, E. PETIT, F. MOUGEL, S. DUPAS, J. FILEE,
C. ALMEIDA, J. COSTA (Brésil, FIOCRUZ)



Objectif :

- Combinaison des jeux de données existants (environnementales, génétique neutre) et du jeu de données génétique adaptative dans une approche de génomique de paysage (SIMADAPT).
- ⇒ effet des changements environnementaux sur la structure génétique des populations
- ⇒ comprendre rôle des gènes chimiosensoriels dans le processus de domiciliation



LabEx
BASC
 Biodiversité, Agroécosystèmes,
 Société, Climat

Campus Paris Saclay

FONDATION DE COOPERATION SCIENTIFIQUE



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
 Fundação Oswaldo Cruz



Réseau HTS - ADEFACE

Adaptation des Eucaryotes Face Aux Changements Environnementaux

Objectifs

- Rassembler la communauté BASC utilisant ou souhaitant nouvelles approches de séquençage à haut débit (HTS : HighThroughput Sequencing), à toutes les échelles (individus, populations, communautés, peuplements, écosystèmes) en appui à l'étude des processus adaptatifs des organismes face aux changements globaux
- Informer et s'informer sur ces nouvelles techniques en faisant partager son savoir-faire aux autres membres de la communauté
- 52 inscrits (BIOGER, EGCE, ESE, ISV, SGV, URGV, ...)



Actions :

Réunions/séminaires

- 6 février 2014 : Première réunion, lancement du réseau
- 18 mars 2014 : **Présentation des Plateformes de séquençage** (Imagif, Génopole, IBENS, URGV, EPVG, CNG), discussion, retours d'expérience
- 20 mai 2014 : **Présentation de la plateforme e-bio** (Paris-sud); **Problème méthodologique** (A. Marchant) : détection des gènes paralogues ou orthologues dans des jeux de données transcriptomiques ; **Présentation d'une thématique de recherche** (S. Merlot)
- 24 novembre 2014 : Préparation du nouveau symposium de 2015
- 14 janvier 2015 : **Mini cours**, Méthodes d'analyse du RNAseq (M.-L. Martin-Magniette, E. Delannoy)
- 11 mars 2015 : **Mini cours**, Objectif biologique, aspects mathématiques et interprétation des résultats de données RNAseq (M-L M-M, E. D)
- 2 juin : **Mini cours**, Planification expérimentale (objectif, gestion des sources de variabilités) et analyse bioinformatique du RNAseq (V. Brunaud, ML M-M, ED)

Soutien d'actions scientifiques :

- Bourses pour des congrès (doctorants)
- Colloque de *Génomique Environnementale*, Octobre 2015, Montpellier

Symposiums :

- 3 avril 2014 : 1^{er} Symposium HTS-ADEFACE (Adaptation des eucaryotes face aux changements environnementaux)

39 participants, 15 communications dont 3 invitées

- 9 avril 2015 - 2^{ème} symposium HTS-ADEFACE .

Trois thématiques : transcriptomique ; traces de sélection ; épigénomique).
40 inscrits, 10 communications dont 4 invitées

Merci à tous les participants du réseau

Contact : myriam.harry@egce.cnrs-gif.fr