



HAL
open science

Coupler isotopes stables et métabarcoding alimentaire pour l'analyse des réseaux trophiques

S. Launey, Erwan Quéméré, Anne Tréguier, Jean-Marc Paillisson, A.L. Besnard, D. Huteau, F. Pompanon, Pierre Taberlet, Jean-Marie Roussel

► **To cite this version:**

S. Launey, Erwan Quéméré, Anne Tréguier, Jean-Marc Paillisson, A.L. Besnard, et al.. Coupler isotopes stables et métabarcoding alimentaire pour l'analyse des réseaux trophiques. 2ème Colloque de Génomique Environnementale, Nov 2013, Rennes, France. , 2013. hal-01103963

HAL Id: hal-01103963

<https://univ-rennes.hal.science/hal-01103963>

Submitted on 6 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.

GE Rennes

du 4 au 6 novembre 2013

2nd Colloque de Génomique Environnementale



Comité Scientifique :

Joly Dominique (CNRS, Gif/Yvette)
Faure Denis (CNRS, Gif/Yvette)
Peyret Pierre (Université Clermont-Ferrand)
Pompanon François (Université Grenoble)
Simonet Pascal (Ecole Centrale Lyon)
De Vargas Colomban (CNRS Roscoff)
Dillmann Christine (Université Paris Sud)
Dubow Michael (Université Paris Sud)
Joron Mathieu (MNHN Paris)
Le Gall Line (MNHN Paris)
Le Paslier Denis (Genoscope)
Mouchiroud Dominique (Université Lyon)
Martin Francis (INRA Nancy)
Pelletier Eric (Genoscope)
Perrière Guy (CNRS Lyon)
Simon Jean-Christophe (INRA Rennes)
Silvain Jean-François (IRD, Gif/Yvette)
Taberlet Pierre (CNRS Grenoble)
Vandenkoornhuyse Philippe (Université Rennes 1)
Vekemans Xavier (Université Lille)

Comité Local d'organisation :

Vandenkoornhuyse Philippe (UMR ECOBIO)

Simon Jean-Christophe (UMR IGEPP)

Dufresne Alexis (UMR ECOBIO)
Quaiser Achim (UMR ECOBIO)
Salmon Armel (UMR ECOBIO)
Petit Eric (UMR ECOBIO)
Troccaz Olivier (UMR ECOBIO)
Rigaud Sandra (UMR ECOBIO)
Picouays Isabelle (UMR ECOBIO)
Donguy Tifenn (UMR ECOBIO)
Briand Valérie (UMR ECOBIO)
Mieuzet Lucie (UMR IGEPP)
Le Trionnaire Gaël (UMR IGEPP)
Mahéo Frédérique (UMR IGEPP)
Gauthier Jean-Pierre (UMR IGEPP)
Allee Asma (UMR IGEPP)
Peterlongo Pierre (UMR IRISA)
Siegel Anne (UMR IRISA)
Lavenier Dominique (UMR IRISA)
Collin Olivier (UMR IRISA)

SOMMAIRE

SOMMAIRE	5
PROGRAMME COLLOQUE	11
COMMUNICATIONS ORALES	17
<u>Session 1 : Actualité méthodologiques et techniques :</u>	
• France génomique, une infrastructure au service de la communauté scientifique - P Le Ber	19
• L'institut français de bioinformatique : une infrastructure nationale de service en bioinformatique - JF Gibrat	20
• Environmental genomics at genoscope : methodological developments for the tara oceans project - P Wincker.....	21
• Le calcul intensif en soutien du barcoding en métagenomique – A Franc.....	22
• Read2snps: détection de snps a partir de reads bruts, sans génome de référence - P Peterlongo	24
<u>Session 2 : Fonctionnement des écosystèmes</u>	
• Algorithmic and mathematical exploration of symbiosis - MF Sagot	25
• Fiat lux : première conversation moléculaire entre une seiche et des bactéries luminescentes – N Kremer	26
• Evolution of cooperation in am fungi – M Duhamel	27
• Comparaison de novo de données de séquençage issues de très grands échantillons métagenomiques – N Maillet	28
• The use of NGS metabarcoding to unveil host-parasite relationships in marine world plankton - N Henry.....	29
• Une approche de métatranscriptome en milieu naturel lacustre pour mieux comprendre le cycle de l'azote des communautés bactériennes associées à des cyanobactéries fixatrice et non fixatrice d'azote – N Pascault	30
• Distribution spatiale et traduction fonctionnelle de la diversité microbienne des sols – S.Terrat.....	31
<u>Session 3 : Evolution des gènes et génomes, adaptation</u>	
• How genomic responses to the environment vary – J Colbourne	32
• Genomic adaptation to different hosts - what makes better-adapted viruses? – E Herniou.....	33
• Evolution de l'organite procaryote responsable de la magnétotaxie – C Lefèvre.....	34
• Evolutionary genomics: what can we learn from environmental transitions? – T Lefébure	35
• Evolutionary dynamics of the chloroplast genome: insights from comparative analyses in the legume family – M Rousseau Gueutin	36
• Evolution of genome structure in the <i>lachancea</i> yeast clade – V Sarilar	37
• Convergent evolution of gut microbiomes in myrmecophagous mammals – F Delsuc	38
• Résolution possible des conflits génomiques entre les sexes par l'évolution d'une expression différentielle – J Jaquiéry	39

Session 4 : Ecologie et génomique des populations

- L'histoire du système d'auto-incompatibilité chez les crucifères illustre le lien entre évolution des génomes et des systèmes de reproduction chez les plantes – X Vekemans 40
- Whole-genome sequencing of multiple *wolbachia* strains: when comparative genomics leads to symbiosis-related pan-genome analysis – S Geniez..... 41
- Diversité intra - et interspécifique d'ascidies invasives en milieux portuaires – S Bouchemousse 42
- Apports de la génomique des populations à l'étude de l'adaptation trophique dans le complexe d'espèces du puceron du pois – P Nouhaud 43
- Architecture génomique de l'adaptation locale et de l'isolement reproductif chez le bar - F Bonhomme..... 44
- Adaptation du bracovirus de *cotesia sesamiae* identifié par targeted re-sequencing - J Gauthier 45

Session 5 : Description et structure de la biodiversité

- Analyses des gènes et des génomes en systématique : biais conceptuels, enjeux – G Lecointre .. 46
- Mapping tropical biodiversity via dna metabarcoding with a focus on plant and soil fungal communities – P Taberlet / L Zinger 47
- Metagenomic approaches to study metazoan genomic diversity : what can we expect? - B Linard 48
- Results and limits of coi barcoding for the exploration of the southern ocean biodiversity and evolution: are mitogenomes the answer ? – A Dettai 50
- Algal barcoding in france allowed addressing questions from systematics to ecology – L Le Gall 52
- Applicability of rad sequencing to infer inter-specific relationships: empirical data from three model systems – E Pante/ A Cruaud/ A Vincel 54
- Etude à haut débit de la biodiversité du passé – EM Geigl..... 56
- Le programme marbol au MNHM - – S Samadi..... 57
- LES POSTERS**..... 58

- N°1 : Nouvelles technologies de séquençage et approches comparatives en sciences de l'évolution – J Abdelkrim 60
- N°2 : Genome size variation and evolutionary dynamics of the repetitive compartment in mediterranean and african lupines (*lupinus ; fabaceae*) - A Aïnouche.. 62
- N°3 : Phylogeography and evolutionary history of a cosmopolitan raptor, the osprey pandion haliaetus, revealed by mitochondrial DNA : implications for conservation – V Arnal.. 63
- N°4 : Valorisation de la lignocellulose : analyse fonctionnelle de consortia microbiens enrichis - L Auer 64
- N°5 : Utilisation du séquençage nouvelle generation pour retracer l'histoire évolutive du maïs cultivé – JT Brandenburg. 65
- N°6 : Patterns of viral and microbial diversity in a sphagnum-dominated peatland using metagenomics – F Ballaud 66
- N°7 : Mise en place d'un pipeline pour l'analyse bioinformatique du métatranscriptome de sols – F Bartolo..... 67
- N°8 : Approche métagenomique de la diversité des protozoaires (*apicomplexa, piroplasmides*) transmis par les tiques ixodes ricinus dans une forêt urbaine – S Bastian..... 68

N°9 : The complete chloroplast genome of <i>spartina maritima</i> : insights from comparative analyses in the poaceae family and molecular dating between polyploid lineages - S Bellot	69
N°10 : First characterization of mariner-like elements in the olive fruit fly <i>Bactrocera oleae</i> (<i>Diptera</i> : <i>Tephritidae</i>) and its host plant <i>Olea europaea</i> - W Ben Lazhar-Ajrout.....	70
N°11 : Etude de la diversité microbienne au sein des eaux souterraines d'aquifères de socle fissure fracture – S Ben Maamar.....	71
N°12 : Genome scan for population genomics: which snp for which species and which snp density for which study? – B Benjelloun.....	72
N°13 : Molecular diversity of <i>collocladia (radiolaria)</i> gives insight on their life cycle – T Biard.....	73
N°14 : Mock community experiments, a necessary step before exploring the environmental microbial eukaryotic community? – L Bittner.....	74
N°15 : Effet de compléments de fertilisation sur les communautés microbiennes des sols - AL Blieux	75
N°16 : Bilan des actions du SSM dans le cadre du programme bibliothèque du vivant – C Bonillo	76
N°17 : Soil fungal communities are organised by ph and plant community specific root length across three mountain grassland sites – JM Bonneville	77
N°18 : Prediction in silico des microarn ciblant les sequences du virus bydv dans le génome de l'orge – M Bouallegue	78
N°19 : Crosstalk between the pill-bug <i>armadillidium vulgare</i> and the feminising <i>wolbachia</i> – D Bouchon	79
N°20 : Détection de gènes homéologues a partir de NGS chez les allopolyploides – J Boutte	80
N°21 : Occurrence and differential expression of the non-ltr i element in <i>drosophila mojavensis</i> and <i>drosophila arizonae</i> and their hybrids - EAG Camelossi	81
N°22 : Caractérisation du CMH de classe i chez une espèce de colombede tropical, la tourterelle à queue carree, <i>zenaida aurita</i> – F Cezilly..	82
N°23 : How a species becomes polyploid – the brassica model – AM Chèvre	83
N°24 : Identification du pathobiome de la tique <i>ixodes ricinus</i> collectée dans les Ardennes - J Chotte	84
N°25 : Variations temporelles de la diversité des larves de bivalves identifiées par barcode moléculaire en baie de Morlaix – T Comtet.....	85
N°101 : Genetic variation of transcriptomic expression in the freshwater snail <i>lymnaea stagnalis</i> exposed to a pro-oxidant pesticide - Marie-Agnès Coutellec	86
N°26 : Combining 454-pyrosequencing, q-pcr and fish to characterize deep-sea sediment microbiomes – P Cruaud	87
N°27 : An extreme case of plant-insect co-diversification: figs and fig-pollinating wasps - A Cruaud	88
N°28 : A genomic toolbox for soil biodiversity assessment – T Decaens	89
N°29 : Plateforme de génomique environnementale du labex CEMEB, Centre Méditerranéen de l'Environnement et de la Biodiversité– E Desmarais	90
N°30 : Tolérance et intolérance au jeune chez un téléostéen, le bar (<i>dicentrarchus labrax</i>) : bases physiologiques moléculaires et détection de polymorphismes par approches génomiques haut-debit - E Desmarais.....	91
N°31 : Le statut du chevesne catalan <i>squalius laietanus (actinopterygii, cyprinidae)</i> en france : apport des données morphologiques et moléculaires - A Dettai..	92

N°32 : Results and limits of coi barcoding for the exploration of the southern ocean biodiversity and evolution: are mitogenomes the answer ? - A Dettai.	93
N°33 : Adaptation à la dégradation de l’atrazine : insertion chromosomique du plasmide padp1 chez pseudomonas sp. adp - M Devers.....	94
N°34 : A virus in a wasp in a ladybird - N M Dheilly	95
N°35 : Diversity of bacteria associated to brown algae of the genus ectocarpus – S Dittami	96
N°36 : Bacterial communities influenced by <i>wolbachia</i> ? community structure and major players in the terrestrial isopod microbiota – J Dittmer.....	97
N°37 : Organisation et évolution des séquences de polydnavirus dans le génome de la guêpe parasitoïde cotesia congregata - JM Drezen	98
N°38 : Diversité bactérienne et phagique d’échantillons de sable des déserts d'Asie et de l’Amérique du Nord – M Dubow.	99
N°39 : Diversité des phosphatases alcalines microbiennes : des séquences aux fonctions - E Duprat	100
N°40 : Chemosensory multigene-family evolution and speciation in the pea aphid (<i>acyrthosiphon pisum</i>) – L Duvaux	101
N°41 : Etude de la diversité des archées et des bactéries du système hydrothermal alcalin sous-marin de la baie de Prony (Nouvelle Calédonie) par pyrosequençage du gène codant pour l’ARNr16s– G Erauso.....	102
N°42 : Is microbial diversity of bovine mammary ecosystem correlated to mastitis susceptibility? – S Even	103
N°43 : Large-scale genotyping by next generation sequencing: how to overcome the challenges to obtain reliable genotypes at the individual level? - M Ferrandiz-Rovira	104
N°44 : Long-term survival of propionibacterium freudenreichii: adaptation to the environment- F Figueira Aburjaile.....	105
N°45 : Banques fractionnées d'ADNc environnementaux eucaryotes construites à partir de faibles quantités d’ARN issus de l'environnement– L Fraissinet Tachet	106
N°46 : Development of a metagenomic approach to target genes from a specific genomic region in marine synechococcus: application to a region involved in light harvesting – L Garczarek	107
N°47 : Découverte de nouveaux virus à partir de transcriptomes haut débit d’animaux non modèles – P Gayral	108
N°48 : Métagénomique à partir de transcriptomes : étude comparative des communautés microbiennes chez le termite – P Gayral	109
N°49 : Molecular and ecological evidences for existence of two cryptic species in the brown algal pylaiella littoralis complex– A Geoffroy.....	110
N°50 : Caractérisation des réseaux mycorhiziens entre <i>colocasia esculenta</i> et <i>pterocarpus officinalis</i> dans des agroforêts humides de Guadeloupe – A Geoffroy	111
N°51 : Genomics and diversity of bacteria degrading polysaccharides from marine macroalgae - A Gobet	112
N°52 : Comparative and functional genomics of the wolbachia bacteria: towards the insight of endosymbiosis – P Grève	113
N°53 : Contribution des sens chimiques à l’adaptation à l’environnement : une étude transcriptomique chez la noctuelle sesamia nonagrioides (lepidoptera : noctuidae) – M Harry	114
N°54 : Biodiversité des punaises aquatiques du cameroun impliquées dans l’émergence de mycobacterium ulcerans agent etiologique de l’ulcère de buruli – M Harry	115

N°55 : Impact de la pollution sur l'immunité de <i>capitella sp. (annelida, polychaeta)</i> : séquençage de transcriptomes et identification de gènes différentiellement exprimés - S Hourdez	116
N°56 : Application de l'approche meta-transcriptomique pour l'étude fonctionnelle de l'écosystème fromager – F Irlinger	117
N°57 : Proteome evolution of deep-sea hydrothermal vent alvinellid polychaetes supports ancestry of thermophily and subsequent adaptation to cold – D Jollivet	118
N°58 : Génomique et transcriptomique de l'agent de bioprotection <i>rhodococcus erythropolis</i> R138 - A Kwasiborski	119
N°59 : Coupler isotopes stables et metabarcoding alimentaire pour l'analyse des réseaux trophiques : écologie trophique de l'écrevisse de Louisiane <i>procambarus clarkii</i> dans le marais de brière – S Launey	120
N°60 : A floristic survey of algal diversity in brittany coupled with dna-barcoding revealed new insights – L Le Gall	121
N°61 : Is the diversity of the active plant root microbiome spatially structured ? - A Lê Van	122
N°62 : Impact of wolbachia bacterial endosymbionts on the evolution of sex determination in the isopod <i>armadillidium vulgare</i> – S Leclercq.....	123
N°63 : Impact d'une multi-pollution métallique sur la diversité bactérienne du sol a micro-échelle - F Lehembre	124
N°64 : Swarm – F Mahé.....	125
N°65 : Transcriptome chemosensoriel (obp, csp) de deux punaises hématophages vectrices de la maladie de chagas – A Marchant.....	126
N°66 : De la difficulté des comparaisons en génomique – GV Markov	127
N°67 : Sumatra et Sumaclust : comparaisons et clustering de séquences exacts et rapides - C Mercier.....	128
N°68 : Evometonicks: molecular diversity and evolution of nickel hyperaccumulation in plants – S Merlot..	129
N°69 : Identification de gènes candidats de résistance chez <i>pisum sativum</i> - M Mazghani Khemakhem	130
N°70 : Impact de biais carbonés sur les populations bactériennes du sol dans un système artificiel d'exsudation et de rhizosphère végétale – S Mondy.....	131
N°71 : Population genomics of environmental pools to infer adaptation of the plant pathogen <i>pseudomonas syringae</i> to crops – CL Monteil.....	132
N°72 : Soil microbial diversity effects on primary production and symbiotic interactions – C Mougel.....	133
N°73 : Comparaison génomique bactérienne et métagénomique pour caractériser le microbiome associé aux nématodes entomopathogènes – JC Ogier.....	134
N°74 : Potential role of mito-nuclear genetic incompatibilities in the maintenance of barriers to gene flow across secondary contact zones in the bivalve <i>macoma balthica</i> – E Pante	135
N°75 : Génotypage d'espèces divergentes par radseq : de l'inter-especes a l'inter-familial – E Pante et A Viricel.....	136
N°76 : A unique in vivo experimental approach reveals metabolic adaptation of the probiotic <i>propionibacterium freudenreichii</i> to the colon environment – S Parayre	137
N°77 : Identification of cryptic stages of marine brown algae by dna barcoding of clones isolated from incubated substratum – AF Peters	138
N°78 : La reconstruction automatique de réseaux métaboliques fonctionnels – S Prigent	139

N°79 : La phylogénie moléculaire en panne sur le chemin des classifications ? - N Puillandre	140
N°80 : Holotype + séquence = hologénophore – N Puillandre	141
N°81 : Explorer la diversité et la plasticité du régime alimentaire d’une population de primates à l’échelle d’un paysage hétérogène : avantages et limites de l’approche de metabarcoding - E Quéméré.	142
N°82 : Isolation and characterization of snps from the genome of ixodes ricinus – E Quillery	143
N°83 : Phylogénie du genre riccardia (<i>aneuraceae</i>) et hypothèses biogéographiques à large échelle – L Rabeau	144
N°84 : Artemis DB : a new database for the identification of arthropod species – JY Rasplus..	145
N°85 : Une analyse multi-gène permet de discriminer les espèces africaines d'hépatique à thalle du genre riccardia (<i>aneuracaeae</i>) – C Reeb	146
N°86 : Dynamique spatio-temporelle d’un agent pathogène émergent retracée a l’aide de l’approche ABC (Approximate Bayesian Computation) – O Rey	147
N°87 : A plastidial 16s rRNA database for exploring the environmental diversity of photosynthetic eukaryotes using a metabarcoding approach – S Romac	148
N°88 : Intégration des approches métagénomiques dans l’étude de la diversité forestière : metabarcoding des coléoptères saproxyliques - R Rougerie	149
N°89 : Identification à haut débit des lépidoptères par pyroséquençage- R Rougerie	150
N°90 : Etude de l’impact de l’épidémie émergente ébola sur la variabilité adaptative des gorilles de plaines de l’ouest grâce a une méthode alternative au séquençage à haut débit - H Rousseau	151
N°91 : Fungal community structure in alpine cushion plant follows the genetic similarity rule – J Roy.	152
N°92 : Différentiation temporelle des niches écologiques des protistes marins – R Siano.....	153
N°93 : Identifying indicators of soil suppressiveness to fungal diseases – K Siegel	154
N°94 : Loss in microbial diversity affects nitrogen cycling in soil – A Spor.....	155
N°95 : Communautés ectomycorhiziennes en truffière naturelle méditerranéenne: dynamique des assemblages et place de la truffe noire du Perigord (<i>tuber melanosporum vittad</i>) – E Taschen.....	156
N°96 : Private selective sweeps identified from next-generation pool-sequencing reveal convergent pathways under selection in two inbred schistosoma mansoni strains – E Toulza	157
N°97 : Approches génomiques pour l’analyse des stratégies adaptatives des bactéries phytopathogènes <i>dickeya solani</i> et <i>dickeya dianthicola</i> – F van Gijsegem.....	158
N°98 : Development of microsatellite markers for the short-beaked echidna using three different approaches including 454 sequencing – C Vanpe	159
N°99: Plankton community fate when transported through the atlantic ocean in agulhas rings - E Villar..	160
N°100 : Une diversité encore méconnue au sein des biofilms à cyanobacteries benthiques dans les rivières – A Zancarini	161
NOM ET ADRESSES MAILS	162

Lundi 4 novembre 2013

12:30 Accueil

14:00 Ouverture du colloque

Session 1 Actualités méthodologiques et techniques14:15 France génomique, une infrastructure au service de la communauté scientifique – **P Le Ber** (France génomique), invité14:45 L'Institut Français de Bioinformatique : une infrastructure nationale de service en bioinformatique – **JF Gibrat** (Institut Français de Bioinformatique), invité15:15 Environmental Genomics at Genoscope : Methodological developments for the Tara Oceans Project - **P Wincker** (Génoscope), invité15:45 Le calcul intensif en soutien du barcoding en métagénomique – **A Franc** (INRA Bordeaux)16:05 read2SNPs: détection de SNPs à partir de reads bruts, sans génome de référence – **P Peterlongo** (INRIA Rennes)

16:25 Pause

Session 2 Fonctionnement des écosystèmes16:55 Algorithmic and mathematical exploration of symbiosis – **MF Sagot** (LBBE Lyon), invitée17:25 Fiat lux : première conversation moléculaire entre une seiche et des bactéries luminescentes – **N Kremer** (LBBE Lyon)17:45 Evolution of cooperation in AM fungi – **M Duhamel** (EcoBio Rennes)

18:05 Session poster

19:30 Apéritif dinatoire

Mardi 5 novembre 2013**Session 2 Fonctionnement des écosystèmes**09:00 Comparaison de novo de données de séquençage issues de très grands échantillons métagénomiques – **N Maillet** (IRISA Rennes)09:20 The use of NGS metabarcoding to unveil host-parasite relationships in marine world plankton – **N Henry** (Station Biologique Roscoff)09:40 Une approche de métatranscriptome en milieu naturel lacustre pour mieux comprendre le cycle de l'azote des communautés bactériennes associées à des cyanobactéries fixatrices et non fixatrices d'azote – **N Pascual** (BioEmCo, ENS Paris)10:00 Distribution spatiale et traduction fonctionnelle de la diversité microbienne des sols – **S Terrat** (INRA Dijon)

10:20 Pause

Session 3 Evolution des gènes et génomes, adaptation11:00 How genomic responses to the environment vary – **J Colbourne** (Univ Birmingham), invité11:30 Genomic adaptation to different hosts - What makes better-adapted viruses? – **E Herniou** (IRBI, Tours)12:00 Evolution de l'organite procaryote responsable de la magnétotaxie – **C Lefèvre** (CEA Aix-Marseille)

12:20 Déjeuner

14:00 Evolutionary genomics: what can we learn from environmental transitions? **T Lefébure** (LEHA Lyon)14:20 Evolutionary dynamics of the chloroplast genome: insights from comparative analyses in the legume family – **M Rousseau-Guétin** (EcoBio Rennes)

14:40 Evolution of genome structure in the *Lachancea* yeast clade – **V Sarilar** (INRA Grignon)

15:00 Convergent evolution of gut microbiomes in myrmecophagous mammals – **F Delsuc** (ISEM Montpellier)

15:20 Résolution possible des conflits génomiques entre les sexes par l'évolution d'une expression différentielle – **J Jaquiéry** (INRA Rennes)

15:40 Posters

16:10 Pause

16:45 Ateliers 40 min (**1 choix parmi 6**)* :

1- **Génotypage haut débit pour organismes non modèles**
S Charlat (LBBE, Lyon)**

2- **Barcoding moléculaire et NGS**
L Le Gall (MNHN Paris) et **F Pompanon** (LECA, Grenoble)

3- **Approches RNA-seq pour les études transcriptomiques**
A Salmon (EcoBio Rennes)

4- **Assemblage, mapping et détection de variants dans les génomes non modèles**
C Lemaitre (INRIA Rennes)

5- **Construction de chaînes d'analyses automatisées (Galaxy)**
Y Le Bras (Plateforme Bioinformatique Genouest, Rennes)

6- **Epigénétique et analyses du méthylome**
G Le Trionnaire (INRA Rennes)

17:30 Ateliers 40 min (**1 choix parmi 7**)* :

1- **Génotypage haut débit pour organismes non modèles**
S Charlat (LBBE, Lyon)**

2- **Recherche de régions génomiques soumises à sélection**
S Stoeckel (INRA Rennes)

3- **Plans d'expérience et statistiques en NGS**
M Gautier (INRA Montpellier)

4- **Base de données pour la génomique environnementale et la systématique**

N Puillandre (MNHN Paris)

5- **Comparaisons rapides pour l'analyse de séquences**

E Drezen (INRIA Rennes)

6- **Modélisation appliquée à la génomique environnementale**

D Eveillard (LINA Nantes)

7- **La phylogénie au secours des annotations**

G Markov (MPI Tubingen)

*Pour l'organisation des salles, merci de compléter les listes d'inscription mise à votre disposition

** Compte tenu du succès de cet atelier dans le sondage préliminaire effectué, celui-ci sera proposé 2 fois

18:10 + 10 min transfert vers bus

18:20 Départ bus

19:00 Réception à la mairie

Soirée libre

Mercredi 6 novembre 2013

Session 4 Ecologie et génomique des populations

09:00 L'histoire du système d'auto-incompatibilité chez les crucifères illustre le lien entre évolution des génomes et des systèmes de reproduction chez les plantes – **X Vekemans** (Univ Lille) , invité

09:30 Whole-genome sequencing of multiple *Wolbachia* strains : When comparative genomics leads to symbiosis-related pan-genome analysis – **S Geniez** (Univ Poitiers)

09:50 Diversité intra- et interspécifique d'ascidies invasives en milieux portuaires – **S Bouchemousse** (Station Biologique de Roscoff)

10:10 Apports de la génomique des populations à l'étude de l'adaptation trophique dans le complexe d'espèces du puceron du pois – **P Nouhaud** (INRA Rennes)

10:30 Pause

- 11:00 Architecture génomique de l'adaptation locale et de l'isolement reproductif chez le bar – **F Bonhomme** (ISEM Montpellier)
- 11:20 Adaptation du bracovirus de *Cotesia sesamiae* identifié par targeted re-sequencing – **J. Gauthier** (IRBI Tours)

Session 5 Description et structure de la biodiversité

- 11:40 Analyses des gènes et des génomes en systématique : Biais conceptuels, enjeu – **G Lecointre** (MNHN Paris) , invité
- 12:10 Mapping tropical biodiversity via DNA metabarcoding with a focus on plant and soil fungal communities – **P Taberlet / L Zinger** (LECA Grenoble / EDB Toulouse)
- 12:30 Déjeuner
- 14:00 Metagenomic approaches to study metazoan genomic diversity: what can we expect? – **B Linard** (NHM London)
- 14:20 Results and limits of COI barcoding for the exploration of the Southern Ocean Biodiversity and Evolution: are mitogenomes the answer? **A Dettai** (MNHN Paris)
- 14:40 Algal barcoding in France allowed addressing questions from systematics to ecology – **L. Le Gall** (MNHN Paris)
- 15:00 Génomique d'espèces divergentes par RADseq: de l'inter-espèce à l'inter-familial – **E Pante/A Cruaud/JY Rasplus** (Univ La Rochelle/IFREMER Plouzané/CBGP Montpellier)
- 15:20 Etude à haut débit de la biodiversité du passé – **EM Geigl** (IJM Paris)
- 15:40 Le programme Marbol au MNHN – **S Samadi** (MNHN Paris)

16:00 Clôture



Type de résumé

Oral présentation

Session

Session 1

Soumis par

Pierre Le Ber

Auteurs et Orateurs

Pierre Le Ber

Liste complète des auteurs - Affiliations

Pierre Le Ber - pleber@genoscope.cns.fr - CEA / DSV / Institut de Génomique (Genoscope & CNG)

Résumé

France Génomique rassemble et mutualise les ressources des principales plateformes françaises de génomique et de bio-informatique. Créée grâce à un financement « Investissements d'Avenir », elle a pour ambition de maintenir la recherche française au plus haut niveau de compétitivité et de performance dans la production et l'analyse des données de génomique, à la pointe de l'état de l'art à l'échelle internationale. Elle offre à la communauté scientifique publique et privée l'accès aux plateformes françaises les plus performantes, un accompagnement des projets, le plus haut niveau d'expertise et de compétences mutualisées ainsi que la possibilité de participer à des projets ambitieux au niveau national et international.

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 1

Soumis par

Jean-François Gibrat

Auteurs et Orateurs

Jean-François Gibrat

Liste complète des auteurs - Affiliations

Jean-Françoise GIBRAT - Institut Français de Bioinformatique

Résumé

La communauté des sciences de la vie produit des masses toujours croissantes de données brutes hétérogènes. En particulier, les nouvelles technologies de séquençage (*Next Generation Sequencing technologies*) sont désormais capables de générer plusieurs téraoctets (To) de données par expérience. Le rôle de la bioinformatique est de gérer ces grandes masses de données mais surtout de les analyser en utilisant une large palette de méthodes informatiques afin d'aider les biologistes à en extraire des connaissances biologiques. Pour répondre aux besoins de la communauté des sciences de la vie, le réseau national des plates-formes de bioinformatique, dans le cadre d'une réponse à l'appel à propositions « Infrastructures en Biologie et Santé » du programme « Investissements d'Avenir », met en place une nouvelle infrastructure de service en bioinformatique, l'Institut Français de Bioinformatique (IFB). Le séminaire présentera les missions de l'IFB et décrira les particularités des traitements bioinformatiques des données produites par les sciences du vivant et les solutions qui sont envisagées dans le cadre de l'IFB pour y répondre.

ENVIRONMENTAL GENOMICS AT GENOSCOPE: METHODOLOGICAL DEVELOPMENTS FOR THE TARA OCEANS PROJECT

Type de résumé

Oral présentation

Session

Session 1

Soumis par

Patrick Wincker

Auteurs et Orateurs

Patrick Wincker

Liste complète des auteurs - Affiliations

Patrick Wincker, CEA, Institut de Génomique, Genoscope, pour le consortium Tara Oceans.

Résumé

The Tara Oceans Expedition realized a 3 years exploration of the world's oceans from September 2009 to March 2012 aboard the ship TARA, collecting and archiving coherent and comprehensive physico-chemical, oceanography, ecology and biological samples and data sets. The TARA Oceans expedition and the on-land OCEANS consortium attempt to integrate the genetic, morphological and functional complexity of the entire ocean ecosystem in its environmental context, from viruses to fish larvae. Genoscope has invested in developing new methodologies for studying eukaryote genetics in environmental samples. We will discuss recent advances in metagenomics, metatranscriptomics and single-cell sequencing applied to Tara Oceans eukaryotic samples.

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 1

Soumis par

Alain Franc

Auteurs et Orateurs

Alain Franc

Liste complète des auteurs - Affiliations

Ph. Chaumeil, UMR BioGeCo, INRA & Université Bordeaux 1

L. Kermarrec, Asconit consultats

Y. Laizet, UMR BioGeCo, INRA & Université Bordeaux 1

J-M. Frigerio, UMR BioGeCo, INRA & Université Bordeaux 1

F. Rimet, UMR Carrtel, INRA & Université de Chambéry

A. Bouchez, MR Carrtel, INRA & Université de Chambéry

A. Franc, UMR BioGeCo, INRA & Université Bordeaux 1

Résumé

Le barcoding est un projet qui a été lancé en début des années 2000 par Hebert et Janzen. Il a été considéré comme un problème clos, dont une solution existait, donc un problème de moyen pour le mettre en œuvre. Or, nous pensons que cette question n'est pas close, ni sur un plan de biologie, ni des méthodes de traitement des données. Les diatomées sont un groupe d'organismes unicellulaires, photosynthétiques, avec squelette siliceux (le frustule), et reproduction parfois sexuée et parfois clonale dans une même lignée. Il existe des flores de diatomées qui permettent de les reconnaître par des caractéristiques de leur frustule sous microscope. Il existe également des «barcodes» pour ces organismes. Il existe entre 20;000 et 100;000 espèces de diatomées. Dans cette présentation, nous rendrons publics trois outils conçus pour traiter des données de métagénomique issues de NGS. Un premier outil (classique) qui sert de base est un calcul exact et complet de distances entre séquences à partir des scores d'alignement local. Le second est une visualisation et un calcul de quelques indices de qualités en comparant des OTUs calculés sur la classification des séquences uniquement et l'assignation morphologique des spécimens, soit par clustering sur graphes, soit par traitement de types Multidimensional Scaling. Cet outil permet de visualiser la structure des bases de références. Le troisième outil est un diagnostic par inférence bayésienne qui affine le BLAST, à partir des distances d'alignement local entre une query et les candidats potentiels retenus par le BLAST. La phase intensive du calcul est celle des distances deux à deux. Pour cela, plutôt qu'utiliser des heuristiques, nous menons les calculs jusqu'au bout en mobilisant des infrastructures de calcul intensif (cluster avec très grand nombre de nœuds, grille de calcul, projet decrypthon sur Blue-Gene avec IBM). Nous présentons in fine quelques résultats, comme la comparaison entre les OTU par clustering sur graphes et ceux obtenus par DOTUR, une visualisation d'un mélange de continuité et de granularité en cluster d'un nuage de points qui reproduit les distances génétiques entre spécimen, et la comparaison entre le BLAST et le calcul complet des alignements locaux par paire pour faire l'inventaire d'une communauté microbienne. Nous proposons comme projet collectif de rendre disponibles et diversifier l'ensemble de ces outils par comparaisons récurrentes à des jeux de données mutualisés. Pour cela, nous proposons de mettre en place un site web seraient disponibles des jeux de données difficiles, des outils et méthodes, et un accès facilité au calcul intensif, appel Diversiton. Chaque amélioration d'une méthode sera testée sur ces jeux de données et comparée à celles existantes. L'enjeu est d'affûter les outils pour explorer avec fiabilité la diversité moléculaire des communautés microbiennes, diversité qui reste majoritairement inconnue de nos jours.

Références bibliographiques

Kermarrec, L. Franc, A. Rimet, F., Chaumeil, Ph., Humbert J.-F. & Bouchez, A. ;– 2013 - Next-generation sequencing to inventory taxonomic diversity in eukaryotic communities: a test for freshwater diatoms. *Molecular Ecology Resources*, 13(4):607-619
Kermarrec, L., Franc, A., Rimet, F., Chaumeil, Ph., Frigerio, J-M., Humbert, J.-F. & Bouchez, A. – 2013 - A Next-Generation Sequencing approach for river biomonitoring

using benthic diatoms. *Freshwater Science* – Accepted. State of the art: Schloss PD, Westcott SL, Ryabin T, Hall JR, Hartmann M, et al. (2009) Introducing mothur: Open-Source, Platform-Independent, Community-Supported Software for Describing and Comparing Microbial Communities. *Appl Environ Microbiol* 75: 7537– 7541. doi:10.1128/AEM.01541-09. Pawlowski, J., S. Audic, S. Adl, D. Bass, L. Belbahri, C. Berney, et al. (2012) CBOL Protist Working Group: Barcoding Eukaryotic Richness beyond the Animal, Plant, and Fungal Kingdoms. *PLoS Biology* 10: e1001419. Pawlowski J, Christen R, Lecroq B, Bachar D, Shahbazkia HR, et al. (2011) Eukaryotic Richness in the Abyss: Insights from Pyrotag Sequencing. *PLoS ONE* 6: e18169. doi:10.1371/journal.pone.0018169.

Mots-clés

Métagénomique - Protistes - Diatomées - Calcul intensif - Modèles statistiques

READ2SNPS: DETECTION DE SNPS A PARTIR DE READS BRUTS, SANS GENOME DE REFERENCE

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 1

Soumis par

Pierre peterlongo

Auteurs et Orateurs

Pierre Peterlongo

Liste complète des auteurs - Affiliations

Raluca Uricaru 1,2, Guillaume Rizk 3,4, Vincent Lacroix 5, Elsa Quillery 6,7, Olivier Plantard 6,7, Rayan Chikhi8, Claire Lemaitre4 and Pierre Peterlongo 4

1 LaBRI, University Bordeaux 1, Talence, France

2 INRA, UMR1349 IGEPP, Le Rheu, France

3 Algorizk, Paris, France

4 GenScale, INRIA Rennes Bretagne-Atlantique, IRISA, Rennes, France

5 BAMBOO, INRIA Grenoble Rhone-Alpes, France

6 INRA, UMR1300 Biology, Epidemiology and Risk Analysis in Animal Health, Nantes, France

7 LUNAM University, Oniris, Nantes Atlantic College of Veterinary Medicine and Food Sciences and Engineering, UMR BioEpAR, Nantes, France 8Department of Computer Science and Engineering, The Pennsylvania State University, USA

Résumé

La détection de SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) est une des tâches fondamentales lors de l'exploitation de données NGS. Généralement les méthodes de détection de SNPs utilisent des génomes de référence. Partant du constat que nous travaillons de plus en plus sur des organismes non modèles, il est indispensable que des méthodes permettent de détecter les SNPs sans l'usage de génome de référence. Il existe peu de méthodes effectuant une telle tâche et celles-ci rencontrent des limitations fondamentales : elles détectent des SNPs homozygotes entre deux jeux de données uniquement, et/ou elles nécessitent des ressources temps/mémoire prohibitifs. La méthode que nous proposons, appelée read2SNPs, permet la détection de SNPs génotypables hétérozygotes ou homozygotes à partir de n'importe quel nombre de jeux de reads, sans utilisation de génome de référence. Ses besoins en temps et en mémoire sont limités (des milliards de reads peuvent être traités sur un classique ordinateur de bureau). De plus son utilisation est particulièrement aisée et chaque SNP détecté est proposé avec des informations de qualité et de couverture par allèle et par jeux de donnée, et avec la séquence du contig auquel il appartient. Nous avons montré pour la première fois que de rechercher des SNPs directement dans des reads non assemblés produit de meilleurs résultats en terme de sensibilité/recall qu'à utiliser une approche assemblage+mapping, classiquement utilisée en l'absence de génome de référence. Une validation expérimentale des SNPs prédits par read2SNPs sur une espèce d'arthropodes a confirmé 96% des SNPs qui ont été testés. Informations complémentaires et téléchargement: <http://colibread.inria.fr/read2snps/>

Mots-clés

SNP, reference-free, heterozygote, homozygote, NGS, low-memory footprint

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 2

Soumis par

Pierre Peterlongo

Auteurs et Orateurs

Marie-France Sagot

Liste complète des auteurs - Affiliations

Marie-France Sagot – LBBE Lyon

FIAT LUX : PREMIÈRE CONVERSATION MOLÉCULAIRE ENTRE UNE SEICHE ET DES BACTÉRIES LUMINESCENTES

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 2

Soumis par

Natacha Kremer

Auteurs et Orateurs

Natacha Kremer

Liste complète des auteurs - Affiliations

Natacha Kremer^{1,2,*}, Eva Philipp³, Marie-Christine Carpentier¹, Caitlin Brennan², Lars Kraemer³, Philip Rosenstiel³, Edward Ruby², Margaret McFall-Ngai²

¹ Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, UMR CNRS 5558, Université Lyon 1, Villeurbanne, France

² Department of Medical Microbiology and Immunology, University of Wisconsin-Madison, Madison, USA

³ Institut für Klinische Molekularbiologie, Christian-Albrechts Universität, Kiel, Germany

Résumé

Les interactions symbiotiques sont particulièrement abondantes dans la nature et jouent un rôle fondamental dans l'expression du phénotype individuel et l'évolution des organismes. Lorsque les symbiotes sont transmis horizontalement, la sélection d'un partenaire au sein d'un groupe résulte de processus complexes liés à la reconnaissance / communication / sanction entre partenaires et au potentiel adaptatif de l'association dans un contexte écologique particulier. La co-évolution entre partenaires peut faciliter la mise en place et le maintien du couple, comme c'est le cas dans la symbiose mutualiste entre la seiche *Euprymna scolopes* et la bactérie luminescente *Vibrio fischeri*. *V. fischeri* représente moins de 0.1% du bactérioplancton, mais est cependant la seule espèce bactérienne à pouvoir établir une association durable avec la seiche. Environ 3h après éclosion dans l'eau de mer, 5-10 symbiotes s'agrègent dans le mucus au dessus du futur site de colonisation. Les bactéries pénètrent ensuite dans l'organe symbiotique, et sont confrontées à des environnements chimiques et physiques stringents, avant d'atteindre leur site final de résidence, les cryptes. Par une approche de transcriptomique comparative (454), nous avons caractérisé les gènes hôtes dont l'expression était affectée par le contact initial avec les symbiotes, en présence du bactérioplancton. Des gènes 'immunitaires' pouvant jouer un rôle dans la sélection des symbiotes, ainsi que des gènes codant pour la dégradation des protéines et des sucres étaient sur-représentés chez les individus symbiotiques. L'un d'eux code pour la chitotriosidase, une enzyme qui dégrade la chitine en chitobiose. Le gradient de chitobiose est nécessaire pour la migration de *V. fischeri* dans l'organe lumineux (Mandel et al., AEM, 2012) mais *V. fischeri* n'est pas attiré par ce gradient in vitro. Nous avons montré que la chitotriosidase, active dans les conditions de pH du mucus et dont l'expression est proche du site d'entrée des bactéries, permet (i) de préparer *V. fischeri*; à détecter le futur gradient de chitobiose (priming), et (ii) de participer à la création du gradient chémo-attractant nécessaire à la migration du symbiote vers les cryptes. Ces études suggèrent qu'un petit nombre de partenaires symbiotiques est suffisant pour reprogrammer l'expression des gènes de l'hôte ; un mécanisme qui va favoriser la sélection et la colonisation du symbiote et permettre un ajustement et la construction du phénotype étendu. Ces études montrent l'importance des approches de transcriptomique comparative dans des espèces non-modèles, comme outil exploratoire pour la détection de candidats dont l'étude peut être complétée par des analyses fonctionnelles.

Références bibliographiques

Mandel MJ, Schaefer AL, Brennan CA, Heath-Heckman EA, Deloney-Marino CR, McFall-Ngai MJ, Ruby EG. 2012. Squid-derived chitin oligosaccharides are a chemotactic signal during colonization by *Vibrio fischeri*. *Appl Environ Microbiol.* 78(13):4620-6.

Mots-clés

RNAseq, transcriptomique comparative, symbiose, spécificité, chitotriosidase,

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 2

Soumis par

Marie Duhamel

Auteurs et Orateurs

Marie Duhamel

Liste complète des auteurs - Affiliations

Marie Duhamel - Université de Rennes 1, UMR6553 ECOBIO

Toby Kiers - Free university of Amsterdam, Faculty of earth and life science

Philippe Vandenkoornhuysen - Université de Rennes 1, UMR6553 ECOBIO

Résumé

The 450-million-year-old arbuscular mycorrhizal (AM) symbiosis is one of the world's most abundant mutualism, more than 80 % of plants are colonised by these fungi. This symbiosis involves nutritional exchanges: plants give carbohydrates to fungi and fungi give minerals to the plants. Plants are colonized by diverse communities of unrelated AM fungi. These strains vary in their level of cooperation and in the benefits they provide to the host. These fungi intermingle on a small spatial scale (e.g. a 1mm section of a single host root), making mechanisms to reward and to select beneficial fungi difficult to envisage from an anatomical and physiological perspective. Therefore, it is necessary to test if hosts can preferentially allocate resources when AM fungi varying in their cooperation level compete within a single root system. We employed stable isotope probing to determine patterns of carbon allocation from the host plant to the fungus. The technique is based on the integration of ¹³C labeled growth substrates into nucleic acids, and then on an ultracentrifugation using a Cesium TriFluoro Acetate gradient. This technique allows researchers to successfully distinguish carbon allocation patterns between AM fungal strains. We used three AM fungal strains: *Glomus intraradices*, *Glomus custos* and *Glomus aggregatum*. Under greenhouse conditions, *Medicago truncatula* seedlings were inoculated with these three strains which were allowed to directly compete for host carbon on the root system. After ten week of growth, we pulse labelled the plants with ¹³CO₂ and harvested the roots. Total RNA was extracted. The RNA containing the "heavy" carbon isotope was separated from the "light" RNAs, after which the identity of the RNAs was revealed using a reverse transcription and a quantitative PCR. We found that the most cooperative fungi, *Glomus intraradices*, had the most enriched RNA, suggesting it received more carbon from the plant. We argue that the plant is able to discriminate among strains, and preferentially allocate carbohydrates to the more cooperative fungi. As in nature this symbiosis is embedded in larger ecological webs, we then tried to explain the evolution of the cooperation in AM symbiosis considering the tri-trophic relationship between AM fungi, host plants, and fungivores. In a second experiment, we added fungivores to the plant/AM fungal system and tested the idea that secondary metabolites, used by the host plant for its own protection against herbivory, can be transferred to the fungal partner to increase its defense against fungivores. These mechanisms can help to explain the stability of the AM symbiosis.

Références bibliographiques

Kiers T., Duhamel M., Beesetty Y., Mensah J.A., Franken O., Verbruggen E., Fellbaum K.R., Kowalchuk G.A., Hart M.M., Bago B., Palmer T.M., West S.A., Vandenkoornhuysen P., Jansa J., Bucking H. 2011. Reciprocal rewards stabilize cooperation in the mycorrhizal symbiosis. *Science* 333 : 880-882

Duhamel M., Pel R., Ooms A., Bucking H., Jansa J., Ellers J., van Straalen N.M., Wouda T., Vandenkoornhuysen P., Kiers E.T. 2013. Do fungivores trigger the transfer of protective metabolites from host plants to arbuscular mycorrhizal hyphae? *Ecology* 94 : 2019 -2029

Mots-clés

Mutualism, plant, arbuscular mycorrhizal fungi, evolution, cooperation, ecosystem functioning, carbon allocation, secondary metabolites

COMPARAISON DE NOVO DE DONNEES DE SEQUENÇAGE ISSUES DE TRES GRANDS ECHANTILLONS METAGENOMIQUES

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 2

Soumis par

Nicolas Maillet

Auteurs et Orateurs

Nicolas Maillet

Liste complète des auteurs - Affiliations

Nicolas Maillet : INRIA Rennes - Bretagne Atlantique / IRISA; EPI GenScale, Rennes, France
Pierre Peterlongo : INRIA Rennes - Bretagne Atlantique / IRISA; EPI GenScale, Rennes, France
Claire Lemaitre : INRIA Rennes - Bretagne Atlantique / IRISA; EPI GenScale, Rennes, France
Dominique Lavenier; INRIA Rennes - Bretagne Atlantique / IRISA; EPI GenScale, Rennes, France

Résumé

La métagénomique vise à étudier le contenu génomique d'échantillon provenant d'environnement naturel. Cette discipline récente étudie les génomes de différents organismes provenant du même milieu. La métagénomique pose de nouvelles questions, tant d'un point de vue biologique qu'informatique. Parmi les différentes approches métagénomiques existantes, la métagénomique comparative de novo compare plusieurs métagénomomes en se basant uniquement sur le contenu brut des échantillons. L'objectif de nos travaux est de développer une méthode rapide pour évaluer la similarité entre deux échantillons métagénomiques obtenus par les séquenceurs de nouvelle génération. Chaque jeu est composé de centaines de millions de courtes séquences d-N (les reads). L'estimation de la similarité s'effectue en calculant efficacement l'intersection entre ces deux jeux de reads. L'originalité de la stratégie repose sur le développement du traitement de base rapide qui identifie les reads du premier jeu similaires à au moins un read du deuxième jeu. Ce traitement est appelé plusieurs fois pour réaliser l'intersection complète. Cette méthode n'est cependant pas exacte et génère un faible taux de faux positifs. La rapidité de la procédure s'appuie sur une structure d'indexation basée sur le concept de filtre de Bloom. Le filtre de Bloom est une structure de données probabiliste qui teste la présence d'élément dans un ensemble, avec un faible pourcentage d'erreur. Le logiciel final, nommé Compareads, a une faible empreinte mémoire, de l'ordre de quelques Go, et calcule l'intersection de deux échantillons de 100 millions de séquences en une dizaine d'heures seulement. À titre indicatif, l'âge du logiciel BLAST pour effectuer un traitement identique demanderait plusieurs centaines d'heures de calcul et plusieurs dizaines de Go de mémoire. À l'heure actuelle, Compareads est probablement le seul outil capable de comparer des échantillons métagénomiques de cette taille. Le logiciel a été utilisé dans le cadre de plusieurs projets et a produit des résultats robustes, biologiquement exploitables et en accord avec diverses méthodes fondamentalement différentes. Il est actuellement utilisé de manière intensive sur les échantillons provenant de l'expédition Tara Oceans. Sur ce projet, par exemple, notre méthode met rapidement en évidence l'influence des grands systèmes océaniques sur la répartition globale des micro-organismes marins.

Mots-clés

Métagénomique comparative, filtre de Bloom, Tara Oceans

THE USE OF NGS METABARCODING TO UNVEIL HOST-PARASITE RELATIONSHIPS IN MARINE WORLD PLANKTON.

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 2

Soumis par

Nicolas Henry

Auteurs et Orateurs

Nicolas Henry

Liste complète des auteurs - Affiliations

Nicolas Henry, Stéphane Audic, Colomban de Vargas.

CNRS UMR7144 & UPMC, Station Biologique de Roscoff, Roscoff, France

Résumé

The onset of massive metabarcoding surveys of any environmental samples across large spatio-temporal and taxonomic scales offers a new tool to study fine-scale ecological patterns amongst microbes and tiny organisms. Here we use a dataset of 14.106 V9 18S rDNA metabarcodes generated from 49 stations along the Tara-Oceans circum-global expedition to test patterns of barcodes co-occurrence between the copepods and their dinoflagellate parasites Blastodinium. The copepod/Blastodinium relationship is a well-known case of marine waters parasitism, however little is known about host-specificity between the ± 2500 and ± 13 morphologically described species of planktonic copepods and Blastodinium, respectively, and especially in open oceans as most previous studies have been conducted in coastal waters. We used basic numerical ecology tools to confirm first the possibility to recover this parasitic interaction from metabarcodes abundance data. Our analysis reveals several pairs of partners that correspond overall to the known large-scale taxonomic spectrum involved in the copepod/Blastodinium association. We finally tested the authenticity of interactions in biological samples preserved from the Tara-Oceans cruise. Overall our analysis suggests that rDNA metabarcoding data can be used to explore biotic interactions amongst the wealth of microorganisms in the world plankton.

Mots-clés

Metabarcoding, parasitism, plankton, protist

UNE APPROCHE DE METATRANSCRIPTOME EN MILIEU NATUREL LACUSTRE POUR MIEUX COMPRENDRE LE CYCLE DE L'AZOTE DES COMMUNAUTES BACTERIENNES ASSOCIEES A DES CYANOBACTERIES FIXATRICE ET NON FIXATRICE D'AZOTE

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 2

Soumis par

Noémie Pascault

Auteurs et Orateurs

Noémie Pascault

Liste complète des auteurs - Affiliations

Noémie PASCAULT : CNRS, UMR BIOEMCO, 46, rue d'ulm, 75005 Paris

Jean-François HUMBERT : INRA, UMR BIOEMCO, 46 rue d'ulm, 75005 Paris

Didier DEBROAS ; Clermont Université, Université

Blaise Pascal, LMGE, BP10448, 63000 Clermont-Ferrand; CNRS, UMR 6023, LMGE, 63177

Aubière Julie LELOUP ; UPMC, UMR BIOEMCO, 46 rue d'ulm, 75005 Paris

Résumé

Les efflorescences de cyanobactéries constituent un risque sanitaire pour l'homme et les animaux de part leur capacité à produire de nombreuses toxines. Par ailleurs, ces phases de prolifération perturbent le fonctionnement des écosystèmes aquatiques où elles surviennent car elles s'accompagnent d'une diminution de la diversité phytoplanctonique et génèrent une biomasse organique importante. Bien que les principales conditions environnementales nécessaires au développement de ces efflorescences soient connues (nutriments – principalement N et P -, température, lumière...), les processus qui les déclenchent ne sont pas encore totalement établis. En particulier, très peu de données sont disponibles sur les échanges de nutriments entre les cyanobactéries et le consortium bactérien (=phycosphère) qui les accompagnent alors que ces processus sont probablement d'une importance capitale dans la dynamique des efflorescences. C'est ainsi que dans certains écosystèmes, des successions de cyanobactéries fixatrices et non fixatrices d'azote sont observées sans que les processus de régulation du cycle de l'azote au cours de ces successions n'aient fait l'objet d'études. C'est dans ce contexte général que nous avons réalisé, par une approche de métatranscriptomique, une analyse de l'expression des gènes afin d'observer (i) s'il y a un découplage des activités photosynthétiques et de fixation de l'azote et (ii) s'il y a une synchronisation des activités enzymatiques du cycle de l'azote des bactéries environnantes et de la cyanobactérie au cours de ces efflorescences. Au cours de l'été 2012, une succession d'*Anabaena* (fixatrice d'azote) et de *Microcystis* (non fixatrice d'azote) a été échantillonnée (base nautique de Seine-et-Marne) le jour et la nuit. Le premier challenge de ce type d'approche de métatranscriptomique est d'obtenir des ARNm en quantité suffisante et de qualité. Pour cela, plusieurs étapes d'extraction et de purification ont été nécessaires (élimination ADN, élimination ARN eucaryotes, élimination ARNr procaryotes). Ensuite, les ARNm procaryotes ont été séquencés par Illumina HiSeq2000. Au total, 330 millions de séquences ont été obtenues, soit environ 40 millions de séquences par échantillon. Le 2ème challenge de ce type d'approche est l'analyse bioinformatique dû (i) à la taille du jeu de données et (ii) aux choix des outils d'analyse car très peu réalisée à l'heure actuelle. Nous avons choisi l'interface Galaxy (<http://galaxyproject.org>) pour établir un workflow d'analyse utilisable sur chaque échantillon. Ce workflow comprend différents outils permettant, entre autres, le nettoyage par contrôle qualité des séquences, l'élimination des ARNr subsistants, le mapping des transcrits contre base de données. Ce sont ces différents challenges qui seront présentés.

Mots-clés

Métatranscriptome, cyanobactérie, phycosphère, cycle de l'ote

DISTRIBUTION SPATIALE ET TRADUCTION FONCTIONNELLE DE LA DIVERSITE MICROBIENNE DES SOLS.

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 2

Soumis par

Sébastien Terrat

Auteurs et Orateurs

Sebastien Terrat

Liste complète des auteurs - Affiliations

Samuel DEQUIEDT¹, Nicolas CHEMIDLIN¹, Florentin CONSTANCIAS¹, Vincent TARDY¹, Walid Horrigue¹, Pierre Alain MARON¹, Lionel RANJARD¹.

¹ UMR 1347 Agroécologie, INRA, Université de Bourgogne, AgroSup Dijon. 17 rue de sully, DIJON, France

Résumé

Le sol, après avoir longtemps été considéré comme un support de construction et de production, est maintenant légitimé comme un des derniers remparts pour la biodiversité terrestre. Parmi les organismes indigènes du sol, les microorganismes et notamment les bactéries sont les plus abondants et diversifiés avec plusieurs milliards d'individus représentant plusieurs millions d'espèces différentes par gramme de sol. De plus, ces microorganismes ont un rôle dans les cycles biogéochimiques des éléments majeurs (C, N, P...) et donc dans les services écosystémiques que peut rendre le sol (recyclage éléments minéraux, qualité de l'atmosphère et de l'eau, production primaire...). Par conséquent, afin d'améliorer la qualité de notre environnement mais aussi la durabilité des modes d'usage des sols il est nécessaire de répondre à deux grandes questions relevant de la microbiologie environnementale: quelle est la distribution spatiale et la régulation de la diversité des communautés microbiennes du sol à petite et grande échelle ? quelle est la traduction des variations de la diversité microbienne des sols en fonctionnement biologique du sol et plus largement en services écosystémiques? Dans cet exposé, nous présenterons les avancées scientifiques sur la distribution de la diversité microbienne obtenues par l'application des outils de séquençage haut débit à différentes échelles (nationale, régionale et paysage) d'une part, et le lien entre les différences de diversité observées à ces échelles et les mesures de fonctionnement biologique du sol d'autre part. La première approche nous permet de définir les règles d'assemblage des communautés microbiennes par une meilleure connaissance des filtres environnementaux structurant la distribution des populations la composant. La deuxième approche nous permet de conclure sur l'importance de la diversité microbienne dans les services écosystémiques que peut rendre le sol.

Mots-clés

Diversité microbienne, séquençage massif, distribution spatiale, services écosystémiques, sols

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 3

Soumis par

John k.Colbourne

Auteurs et Orateurs

John k.Colbourne

Liste complète des auteurs – Affiliations

John K. Colbourne, Environmental Genomics Group, School of Biosciences, University of Birmingham (UK)

Résumé

Daphnia, or the water flea, is a sentinel species of freshwater ecosystems. Their populations are defined by the boundaries of ponds and lakes, are sensitive to modern toxicants in the environment, and thus are used to assess the ecological impact of environmental change. Their short generation time, large brood sizes, and ease of laboratory and field manipulation have assured *Daphnia's* importance for setting regulatory standards by environmental protection agencies, testing chemical safety, monitoring water quality, and as a model for environmental genomics research. In this study, we take advantage of the animal's clonality and mature genomics tools to dissect the sources of gene expression variation in the stress response of genetic isolates to six environmentally relevant pollutants, and their binary mixtures. One isolate originates from a natural population that has faced severe chemical challenges for over a century of industrial iron/ore smelting and thus demonstrates evolved tolerance to toxic levels of certain metals. Another isolate originates from a population that has no history of chemical stress and is clearly harmed by metal exposure. By interrogating differential expression of 31,000 annotated genes from 50 comparisons across conditions and between isolates, the current study provides new insights into the functional interactions among genes and environment.

The research was conducted during hands-on training in "Environmental Genomics" – an annual summer course offered at the Mount Desert Island Biological Laboratory.

GENOMIC ADAPTATION TO DIFFERENT HOSTS - WHAT MAKES BETTER-ADAPTED VIRUSES?

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 3

Soumis par

Elisabeth Herniou

Auteurs et Orateurs

Elisabeth Herniou

Liste complète des auteurs - Affiliations

Aurélien Chateigner¹; Cindy Pontleve¹; Davy Jiolle¹; Amélie Hébert¹; Carole Labrousse¹; Annie Bézier¹; Elisabeth Herniou¹

¹Institut de Recherche sur la Biologie de l'insecte, UMR CNRS 6035, Université François Rabelais de Tours, Faculté des Sciences et Techniques, Avenue Monge - Parc Grandmont;37200 Tours France.

Résumé

The interplay between ecological and genomic adaptation is at the heart of evolutionary processes. If we consider that species evolve as groups of genomes adapting to particular ecological niches, shifts to a new ecological niche should be connected with the adaptation and differentiation of a genome population to this particular niche. To study how ecological adaptation affects genomes simultaneously at both ecological and whole genome levels, we focussed on large DNA viruses because their ecological niches are mostly defined by their hosts. Among viruses, baculoviruses are uniquely transmitted between insect hosts as groups of genomes, which sets them further apart for studying the effect of niches on populations. We investigated this question of ecological genomic adaptation by an experimental evolution approach on a baculovirus. As their infectious particles contain >100 virions each enclosing a genome of 134 kb, baculoviruses foster the maintenance of high genetic diversity, as we discovered from ultra-deep illumina sequencing of the AcMNPV wild-type isolate. We found different level of polymorphism: few SNPs at high frequency located in essential genes involved in replication, transcription and transmission, and low frequency SNPs in every position, suggesting any potentially beneficial mutation is already present within the population. We used this diverse virus population to perform experimental evolution in two lepidopteran host species; *Trichoplusia ni* and *Spodoptera exigua*. We performed 10 infection cycles in 10 replicate lines. We analysed the evolution of virulence phenotypes in parallel to resequencing the evolved progeny lines.

Mots-clés

Adaptation - Evolution Experimentale- Genomique des Populations

EVOLUTION DE L'ORGANITE PROCARYOTE RESPONSABLE DE LA MAGNETOTAXIE

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 3

Soumis par

Christopher Lefèvre

Auteurs et Orateurs

Christopher T. Lefèvre

Liste complète des auteurs - Affiliations

Christopher T. Lefèvre¹, Nicolas Ginet¹, Nicolas Menguy² et David Pignol¹

¹ CEA/CNRS/Aix-Marseille Université, UMR7265 Biologie Végétale et Microbiologie Environnementales, Laboratoire de Bioénergétique Cellulaire, 13108, Saint Paul lez Durance, France

² Institut de Minéralogie et de Physique des Milieux Condensés, UMR7590 CNRS/IRD/ Université Pierre et Marie Curie, Campus Jussieu, 75005 Paris, France

Résumé

L'un des exemples illustrant l'incroyable adaptation d'organismes à leur environnement est celui des bactéries magnétotactiques (MTB). En effet, les MTB constituent un groupe d'organismes aquatiques caractérisé par une grande diversité phylogénétique, physiologique et morphologique ayant en commun la capacité de se déplacer le long des lignes du champ magnétique terrestre. Ceci est rendu possible par la présence, dans leur cytoplasme, d'organites chargés de nanocristaux de fer magnétiques biominéralisés, les magnétosomes. Selon les souches de bactéries, ou parfois l'environnement dans lequel elles évoluent, ces nanoparticules sont composées de magnétite (Fe₃O₄) ou de greigite (Fe₃S₄). L'organisation linéaire des magnétosomes induit un moment magnétique dipolaire permanent à la cellule, agissant alors comme une aiguille de boussole; cette structure cellulaire lui permet de s'aligner passivement le long des lignes du champ géomagnétique et de migrer grâce à son appareil flagellaire. Le rôle de cet organite reste à l'heure actuelle hypothétique, toutefois la communauté scientifique s'accorde pour dire que favoriserait la navigation et la stabilisation des MTB au niveau de leur concentration optimale en oxygène. Les récents progrès effectués dans les méthodes d'olément de l'environnement naturel et de culture des MTB, ainsi que des techniques de séquençage de génomes entiers ont généré de nombreuses données ouvrant de nouvelles perspectives sur la biodiversité et l'évolution des MTB. Dans cette présentation j'exposerai ces récents progrès et les futures directions qui conduiront très probablement à l'exploitation des MTB pour des études fondamentales mais également appliquées.

Références bibliographiques

- 1)Lefèvre CT, Bazylinski DA (2013) Ecology, diversity, and evolution of magnetotactic bacteria. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*. 77: Sous presse.
- 2)Lefèvre CT, Trubitsyn D, Abreu F, Kolinko S, Almeida LG, de Vasconcelos AT, Lins U, Schüler D, Ginet N, Pignol D, Bazylinski DA. (2013) Monophyletic origin of magnetotaxis and the first magnetosomes. *Environmental Microbiology*. 15:2267-2274.
- 3)Bazylinski DA, Lefèvre CT, Schüler D. (2013) Magnetotactic bacteria. In: Rosenberg E, DeLong EF, Lory S, Stackebrandt E, Thompson F (eds) *The Prokaryotes*. Springer, Berlin, Heidelberg. pp. 453-494.
- 4) Lefèvre CT, Vioria N, Schmidt ML, Pósfai M, Frankel RB, Bazylinski DA. (2012) Novel magnetite-producing magnetotactic bacteria belonging to the Gammaproteobacteria. *ISME Journal*. 6:440-450.
- 5)Lefèvre CT, Menguy N, Abreu F, Lins U, Pósfai M, Prozorov T, Pignol D, Frankel RB, Bazylinski DA. (2011) A cultured greigite-producing magnetotactic bacterium in a novel group of sulfate-reducing bacteria. *Science*. 334: 1720-1723.

Mots-clés

Organite procaryote, transfert horizontal, îlot génomique, bactéries magnétotactiques, magnétotaxie, biominéralisation, biodiversité, évolution, adaptation

EVOLUTIONARY GENOMICS: WHAT CAN WE LEARN FROM ENVIRONMENTAL TRANSITIONS?

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 3

Soumis par

Tristan Lefebure

Auteurs et Orateurs

Tristan Lefébure

Liste complète des auteurs - Affiliations

Tristan Lefébure;1,2, Lara Konecny 1,2, Ludovic Orlando 3, Andaine Orlando 3, Christophe Douady 1,
1: CNRS, UMR5023 Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés, Université Lyon 1, Villeurbanne, F-69622, France
2: Université de Lyon, Lyon, F-69003, France
3: Centre for GeoGenetics, Natural History Museum of Denmark, University of Copenhagen, Copenhagen, K-1350, Denmark

Résumé

Traditional genomic models are poor ecological model: they include few distantly related species selected for ease of growing and manipulation in the lab, irrespective of their evolutionary history and the characteristics of their natural habitat. Therefore, the tremendous advances made in functional genomics using model organisms has not been followed by similar progress in the genomics of adaptation, and a new generation of ecological genomic model is much warranted. Ground water and surface water are strongly contrasted environments: groundwater receive no sun light providing food depreciated habitats, and are substantially more stable over time than surface water. The environmental transition from surface to groundwater habitats has been repeatedly and independently made by subterranean organisms that all evolved the same set of phenotypes: depigmentation, blindness, resistance to starvation, increased longevity ... Within a particular group, the Asellidae, we isolated 11 such transitions and sequenced the transcriptomes of the corresponding 22 surface and subterranean species. This new ecological genomic model with its unprecedented statistical framework is a generalist model aiming at the study of adaptation. We present here one application of this new model to the first assessment of the extent of molecular regressive evolution during an important environmental transition.

Mots-clés

RNSeq, non-model organism, extreme environments, phylogenetic comparative analyses, adaptation

EVOLUTIONARY DYNAMICS OF THE CHLOROPLAST GENOME: INSIGHTS FROM COMPARATIVE ANALYSES IN THE LEGUME FAMILY

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 3

Soumis par

Mathieu Rousseau-Gueutin

Auteurs et Orateurs

Mathieu Rousseau-Gueutin

Liste complète des auteurs - Affiliations

Mathieu Rousseau-Gueutin^{1†*}, Martin Guillaume^{1,2†}, Solenn Cordonnier¹, Oscar Lima¹, Sophie Michon-Coudouel³, Delphine Naquin^{1,4}, Julie Ferreira de Carvalho¹, Malika Ainouche¹, Armel Salmon¹, Abdelkader Ainouche¹

1. UMR CNRS 6553 Ecobio, OSUR (Observatoire des Sciences de l'Univers de Rennes), Université de Rennes 1 / Université Européenne de Bretagne, 35 042 Rennes, France

2. Current address: CIRAD (Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement), UMR AGAP, F-34398 Montpellier, France

3. Plate-forme Génomique Environnementale et Fonctionnelle, OSUR-CNRS, Université de Rennes 1, 35042 Rennes, France

4. Plate-Forme de Bioinformatique, Genouest INRIA/IRISA, Université de Rennes-1, 35042 Rennes, France

5. Current address: Plate-forme IMAGIF, FRC3115 CNRS, 91198 Gif sur Yvette Cedex, France[†]. The two first authors contributed equally.* e-mail: mathieu.rousseau@univ-rennes1.fr; phone +33 2 23 23 67 66.

Résumé

The chloroplast genome (plastome) arose more than one billion years ago through the endosymbiosis of a cyanobacterium by a eukaryotic cell, enabling the emergence of new photosynthetic lineages within eukaryotes. This major event played a fundamental role in the evolution and diversification of the living world and the biosphere dynamics. Due to the slow evolutionary rate of the plastome, to its maternal inheritance as well as to the rarity of plastid fusion, chloroplast sequence data are extremely useful for phylogenetic, phylogeographic, molecular dating or DNA barcoding studies. With the recent advent of Next Generation Sequencing technologies (NGS), the number of sequenced plastomes has rapidly expanded in the last decade: from 34 in 2003 to 327 Viridiplantae plastomes in 2013. This recent availability of numerous plastomes allowed large comparative analyses to be performed, significantly increasing our understanding on the evolution of the plastome architecture, gene content and rate of nucleotide substitution. This also improved our knowledge of the evolutionary dynamics between the different cellular genomes (chloroplast, mitochondrion and nucleus), notably on the functional transfer of chloroplast genes to the nucleus that is still ongoing in angiosperms. Despite the plastome structure and evolution are well conserved among most photosynthetic angiosperms, a certain number of plant families presents fast evolving and highly rearranged plastomes. This is the case for the Legume family (Fabaceae), for which extensive rearrangements, gene losses and localized hypermutation have been encountered. In this family, plastome sequences were only available for the most derived papilionoid lineages. Therefore, to better understand the origin and molecular mechanisms involved in this atypical evolution, the plastome from a representative of an earlier legume lineage (*Lupinus luteus*; Genistoid) was reconstructed using Roche-454 and Illumina NGS data (73x and 884x coverage respectively). Comparative genomics with other legume and outgroup plastomes allowed us to discover a novel lineage-specific 36 kb inversion and to demonstrate the role of repetitive sequences in the mechanisms generating such noteworthy structural plastome rearrangements. Plastome and transcriptome sequence analyses provided new insights into the evolutionary cross-interactions between the plastid and the nuclear genomes, as exemplified by the identification of two chloroplast genes functionally transferred to the nucleus and subsequently lost from the plastome. Investigations on the evolutionary rate of coding and noncoding sequences among the legume plastomes also permitted the identification of hotspot mutation regions that will be highly valuable for phylogenetic reconstruction at various taxonomic levels.

Mots-clés

Endosymbiosis, plastid genomics, plastome evolution, functional gene transfer, angiosperms, rearrangements, repetitive sequences

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 3

Soumis par

Véronique Sarilar

Auteurs et Orateurs

Véronique Sarilar

Liste complète des auteurs - Affiliations

Véronique Sarilar¹, Guénola Drillon², Gilles Fischer², Cécile Neuvéglise¹

¹ Institut Micalis, UMR INRA 1319/AgroParisTech, Biologie intégrative du métabolisme lipidique microbien, 78850 Thiverval-Grignon, France.

² UPMC Université Paris 06, CNRS UMR7238, Unité de Génomique des Microorganismes, 75006 Paris, France.

Résumé

Advances in sequencing technologies made it possible to explore clades that are phylogenetically distinct from classical model species and to obtain a broader view of genome evolution. We focused on the Lachancea yeast clade that is related to Saccharomyces species, but which diverged before their ancestral whole genome duplication. Up to now, 11 Lachancea species have been isolated worldwide in association with plants (leaves, roots, tree exudates), soil, or fermentation products. Among them, only three have been previously sequenced and annotated, including *L. kluyveri* that harbours an unusual nucleotide composition with a complete chromosome arm (the left arm of chromosome C called C-left) in which the G+C content is 12% higher than the rest of the genome. We have sequenced and annotated 7 genomes over the 8 remaining ones (the species *L. lanzarotensis* has being described afterwards) to carry out a comparative genome analysis between these 10 Lachancea species. Here we present the evolution of the genome structure in this clade. We first investigated the extent and consequences of chromosome rearrangements which have shaped the genomes. For instance, a chromosome fusion occurred in *L. fantastica*. The analysis of synteny and the reconstruction of structural evolutionary events showed that relatively few rearrangements occurred during the evolution of this clade, which was unexpected from their level of protein sequence divergence. Gene order reorganizations, coherent with species phylogeny, involved particular sequences such as the rDNA and the silent cassettes associated with MAT (mating-type) locus. Homologous regions of *L. kluyveri* C-left arm are the most syntenic in each species. The presence of MAT locus in this region is probably due to this phenomenon, but the mechanisms remain to be defined. Transposable elements are known to be involved in chromosome rearrangements. Thus, we investigated their putative impact on the Lachancea genome architecture. We particularly analyzed two abundant families, Tsk1 and Rover. The *L. kluyveri* retrotransposon Tsk1 is suspected to have been acquired by horizontal transfer and is absent from C-left. The Rover transposon is the sole class II element from the hAT superfamily identified so far in the Saccharomycotina subphylum.

Mots-clés

Yeast, Genome structure, Chromosome rearrangements, MAT locus, Transposable elements

CONVERGENT EVOLUTION OF GUT MICROBIOMES IN MYRMECOPHAGOUS MAMMALS

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 3

Soumis par

Frédéric Delsuc

Auteurs et Orateurs

Frédéric Delsuc

Liste complète des auteurs - Affiliations

Frédéric Delsuc^{1,2}, Jessica L. Metcalf², Laura Wegener Parfrey², Se Jin Song², Antonio González² and Rob Knight²

¹Institut des Sciences de l'évolution de Montpellier, UMR5554 CNRS IRD Université Montpellier

², France.²Biofrontiers Institute, University of Colorado, Boulder, CO 80309, USA.

Résumé

Mammals have diversified into many dietary niches. Specialized myrmecophagous (ant- and termite-eating) placental mammals represent a textbook example of evolutionary convergence driven by extreme diet specialization. Armadillos, anteaters, aardvarks, pangolins, and aardwolves thus provide a model system for understanding the role of gut microbiota in the convergent adaptation to myrmecophagy. Here, we expand upon previous studies of mammalian gut microbiome evolution by using high-throughput barcoded Illumina sequencing of the 16S rRNA gene to characterize the composition of gut microbiota in 15 species representing all placental myrmecophagous lineages and their close relatives from zoo- and field-collected samples. We show that source tracking methods identify samples likely contaminated by external sources and processes. Comparing samples significantly assigned with a mammalian gut source community, we confirm that both diet and phylogeny drive the evolution of mammalian gut microbiota, with cases of convergent evolution in global composition, but also examples of phylogenetic inertia. Our results reveal specialized placental myrmecophages as a spectacular case of large-scale convergence in gut microbiome composition. Indeed, Neighbor-Net networks and beta diversity plots based on UniFrac distances show significant clustering of myrmecophagous species (anteaters, aardvarks, and aardwolves) even though they belong to phylogenetically distant lineages representing different orders. The aardwolf, which diverged from carnivorous hyenas less than 10 million years ago, already experienced a convergent shift in the composition of its gut microbiome with other myrmecophages. These results set the scene for future metagenomic studies aiming at evaluating potential convergence in functional gene content in the microbiomes of specialized mammalian myrmecophages.

Mots-clés

Evolutionary convergence, gut microbiome, microbial diversity, 16S rRNA sequencing, mammals.

RESOLUTION POSSIBLE DES CONFLITS GENOMIQUES ENTRE LES SEXES PAR L'EVOLUTION D'UNE EXPRESSION DIFFERENTIELLE

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 3

Soumis par

Julie Jaquiéry

Auteurs et Orateurs

Julie Jaquiéry

Liste complète des auteurs - Affiliations

Julie Jaquiéry¹, Claude Risper¹, Denis Roze^{2,3}, Fabrice Legeai^{1,4}, Gaël Le Trionnaire¹, Solenn Stoeckel¹, Lucie Mieuzet¹, Corinne Da Silva⁵, Julie Poulain⁵, Nathalie Prunier-Leterme

¹, Béatrice Ségurens⁵, Denis Tagu¹ & Jean-Christophe Simon¹¹ INRA, UMR 1349, Institute of Genetics, Environment and Plant Protection, Domaine de la Motte, BP 35327, 35653 Le Rheu cedex, France.

² CNRS, UMR 7144, Station Biologique de Roscoff, Roscoff, France,

³ UPMC Université de Paris 6, Roscoff, France

⁴ IRISA/INRIA Centre Rennes - Bretagne Atlantique, GenScale, Campus de Beaulieu, 35042 Rennes, France.

⁵ Commissariat à l'énergie Atomique (CEA), Institut de Génomique (IG), Genoscope, 2, rue Gaston-Crémieux, CP 5706, 91057 Evry, France

Résumé

Mâles et femelles d'une espèce partagent l'essentiel de leur génome, cependant la valeur optimale pour chaque sexe diffère à un grand nombre de traits phénotypiques avec pour résultat des conflits génétiques intra-locus entre sexes. Les chromosomes sexuels sont transmis différemment selon le sexe des individus, une caractéristique qui peut favoriser l'accumulation d'allèles sexuellement antagonistes (c'est-à-dire d'allèles qui sont bénéfiques pour un des sexes mais délétères pour l'autre sexe). Les pucerons sont un groupe qui combine une transmission particulière du chromosome sexuel (X) avec un cycle de vie alternant reproduction sexuée et asexuée. Nous avons démontré par une approche de modélisation que dans ces conditions les mutations sexuellement antagonistes favorables aux mâles s'accumulent préférentiellement sur le chromosome X. En revanche, celles bénéfiques aux femelles s'accumulent préférentiellement sur les autosomes. Des modèles théoriques proposent que l'évolution d'une expression génique différente selon le sexe des individus constitue un mécanisme permettant la résolution des conflits sexuels, en limitant l'expression de gènes porteurs d'allèles sexuellement antagonistes au sexe qui en bénéficie. Sur la base de séquençages de transcriptomes (RNAseq) chez des mâles et des femelles de puceron du pois, nous avons montré que les gènes présentant une expression différente selon le sexe montrent une localisation génomique particulière : les gènes plus exprimés chez les mâles se situent généralement sur le chromosome X, alors que ceux exprimés surtout chez les femelles se localisent principalement sur les autosomes. Nos résultats supportent ainsi l'hypothèse que les conflits sexuels peuvent être résolus au cours de l'évolution par une modification de l'expression génique. Notre étude souligne la pertinence d'étudier des organismes qui présentent des transmissions particulières de leur chromosomes pour mieux comprendre les mécanismes qui conduisent à des expressions géniques différentes selon le sexe ainsi que les forces évolutives qui façonnent les génomes.

Références bibliographiques

Jaquiéry J, Risper C, Roze D, Legeai F, Le Trionnaire G, Stoeckel S, Mieuzet L, Da Silva C, Poulain J, Prunier-Leterme N, Ségurens B, Tagu D & Simon JC. 2013 Masculinization of the X chromosome in the pea aphid. PLoS Genetics, 9:e1003690.

Mots-clés

Conflits mâle-femelle, conflits intra-locus, expression génique différentielle, RNAseq, chromosomes

L'HISTOIRE DU SYSTEME D'AUTO-INCOMPATIBILITE CHEZ LES CRUCIFERES ILLUSTRE LE LIEN ENTRE EVOLUTION DES GENOMES ET DES SYSTEMES DE REPRODUCTION CHEZ LES PLANTES

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 4

Soumis par

Xavier Vekemans

Auteurs et Orateurs

Xavier Vekemans

Liste complète des auteurs - Affiliations

Xavier Vekemans - Laboratoire GEPIV - UMR 8198 CNRS-Université Lille 1 - xavier.vekemans@univ-lille1.fr

Résumé

Une avancée considérable dans la compréhension de la dynamique de transition des traits d'histoire de vie, et de leurs conséquences évolutives, a été apportée récemment par le développement de proches phylogénétiques combinant la reconstruction de l'évolution des traits et la quantification de leur impact sur les taux de diversification spécifique. Chez les plantes, il a notamment été montré que les transitions de système de reproduction de l'allogamie vers l'autogamie, et les transitions de niveau de ploïdie associées à des duplications de génome entier causent des réductions importantes des taux nets de diversification. Je proposerai que l'étude de la variation moléculaire aux gènes contrôlant les traits d'histoire de vie (avec comme modèle le locus d'auto-incompatibilité chez les Crucifères ou Brassicaceae) constitue une source complémentaire d'information pour retracer la dynamique et comprendre les conséquences évolutives des transitions de système de reproduction chez les plantes. Tout d'abord, je présenterai des données sur le polymorphisme au locus d'auto-incompatibilité (locus S) et sur les patrons d'évolution moléculaire dans la région génomique du locus S chez *Arabidopsis halleri* et *A. lyrata*. En termes d'évolution moléculaire, le locus S montre des propriétés similaires aux chromosomes sexuels. Ensuite, j'aborderai la question de l'impact des événements de duplication de génome entier sur la dynamique évolutive des systèmes d'auto-incompatibilité. Nos résultats basés sur l'étude du polymorphisme au locus S dans plusieurs lignées indépendantes suggèrent un scénario évolutif consistant en une perte temporaire de l'auto-incompatibilité, suivie par un rétablissement du système à une position génomique différente associé à une re-diversification allélique rapide sous l'effet d'une forte sélection équilibrante.

Mots-clés

Génomique des populations - Systèmes de reproduction

WHOLE-GENOME SEQUENCING OF MULTIPLE WOLBACHIA STRAINS: WHEN COMPARATIVE GENOMICS LEADS TO SYMBIOSIS-RELATED PAN-GENOME ANALYSIS

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 3

Soumis par

Sandrine Geniez

Auteurs et Orateurs

Sandrine Geniez

Liste complète des auteurs - Affiliations

Sandrine Geniez^{1,2}, Bouziane Moumen², Jeremy Foster¹, Sanjay Kumar¹, Barton E. Slatko¹ and Pierre Grève²

¹New England Biolabs, Inc. Ipswich MA 01938, USA²University of Poitiers, Ecology Evolution Symbiosis Team. Poitiers, France

Résumé

Wolbachia endosymbionts are widespread in arthropods and are considered reproductive parasites, inducing a variety of phenotypes including cytoplasmic incompatibility, parthenogenesis, feminization and male killing, which serve to promote their spread through populations. In contrast, Wolbachia infecting filarial nematodes that cause human diseases, including elephantiasis and river blindness, are obligate mutualists. These Wolbachia are subjects of drug discovery initiatives, but purification methods for efficient sequencing of these unculturable bacteria have proven difficult using a variety of techniques including chemical gradients, PFG purification, library construction followed by gene walking, etc. To examine the biology of symbiosis in worldwide natural populations, we have developed a novel targeted-genome enrichment procedure that allows specific isolation of endosymbiotic DNA from host mitochondrial and nuclear DNA. We assayed the robustness of this procedure using phylogenetically distant Wolbachia strains demonstrating that the method can be used to enrich target DNA from unculturable microbes over large evolutionary distances. By combining this new procedure with Next Generation Sequencing technologies (Illumina HiSeq and MiSeq), we successfully sequenced 6 new strains of Wolbachia that induce either host feminization or cytoplasmic incompatibility. Using these newly sequenced genomes as well as the 16 already published genomes, comparative genomics were performed to establish a first pan-genome of the bacteria Wolbachia and phylogenomics.

Références bibliographiques

Geniez S, Foster JM, Kumar S, Moumen B, Leproust E, Hardy O, Guadalupe M, Thomas SJ, Boone B, Hendrickson C, Bouchon D, Greve P, Slatko BE (2012) Targeted genome enrichment for efficient purification of endosymbiont DNA from host DNA. *Symbiosis* 58 (1---3):201---207. doi:10.1007/s13199---012---0215---x;

Mots-clés

Wolbachia, symbiosis, whole-genome sequencings, NGS, pan--genome, comparative genomics, bacterial effectors, host-symbiont interactome, Armadillidium vulgare, isopod crustaceans, feminization, Brugia malayi, nematodes, mutualism.

DIVERSITE INTRA- ET INTERSPECIFIQUE D'ASCIDIES INVASIVES EN MILIEUX PORTUAIRES

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 4

Soumis par

Sarah Bouchemousse

Auteurs et Orateurs

Sarah Bouchemousse

Liste complète des auteurs - Affiliations

Sarah Bouchemousse^{1,*}, Charlotte Roby¹, Laurent Lévêque¹, Anna Yunnies^{1,2}, Guillaume Dubois¹, John Bishop² et Frédérique Viard¹

¹Station Biologique de Roscoff, Place George Teissier, Roscoff (France)

²Marine Biological Association, Citadell Hill, Plymouth (UK)*contact: sbouchemousse@sb-roscoff.fr, +33 2 98 29 25 44

Résumé

Les processus d'introductions biologiques sont d'excellents modèles pour étudier en temps réel des processus éco-évolutifs, tel que la mise en place d'acclimatation ou d'adaptation à de nouveaux environnements ou encore les mécanismes d'hybridation dans les cas de contacts secondaires entre espèces partiellement isolées reproductivement. L'étude de ces processus est particulièrement pertinente dans les habitats portuaires : ce sont des habitats mal connus bien qu'étant des points d'introduction privilégiés et des relais d'expansion de nombreuses espèces non-indigènes marines. Ils présentent des communautés d'espèces riches notamment dans la classe des ascidies ou les espèces non-indigènes sont une composante majeure. Dans ce contexte, le projet DNAcid déposé auprès de Bibliothèque du vivant nous a permis d'acquérir des données visant à confirmer l'identification d'espèces non-indigènes nouvellement observées et de caractériser la diversité intra- et interspécifiques de plusieurs espèces d'ascidies introduites. Ces études se sont appuyées sur des séquençages du gène nucléaire 18S et du gène mitochondrial COI. Trois résultats majeurs ont été obtenus : (1) la confirmation d'une large distribution de l'espèce introduite *Asterocarpa humilis* en Bretagne et dans le sud de l'Angleterre, (2) l'existence d'un complexe d'espèces au sein du genre *Botrylloides* sp. impliquant des espèces indigènes et non indigènes sur les côtes de la Manche, et (3) l'observation, en Manche, de variations spatio-temporelles de la présence de deux espèces d'ascidies *Ciona intestinalis* type A (supposée introduite) et type B (native). Une présentation plus détaillée sera donnée sur cette dernière étude. Les deux espèces de *C.intestinalis*, morphologiquement similaires mais fortement divergentes (4-8 millions d'années), sont capables de s'hybrider en laboratoire. En 2012, un suivi saisonnier (printemps, automne) a été initié dans 11 populations bretonnes montrant la co-existence des deux espèces mais également des variations saisonnières potentielles. En outre, les deux espèces montrent des niveaux de diversité génétique mitochondriale différente à une échelle régionale qui pourrait s'accorder avec l'hypothèse d'une introduction récente pour l'espèce supposée introduite. La prochaine étape en cours est une analyse de génomique des populations basées sur l'analyse de marqueurs nucléaires afin de décrire plus précisément le potentiel d'hybridation entre ces deux espèces dans la région d'étude.

Mots-clés

Ascidies introduites, complexe d'espèces, 18S, COI, habitats portuaires, Manche Occidentale

APPORTS DE LA GENOMIQUE DES POPULATIONS A L'ETUDE DE L'ADAPTATION TROPHIQUE DANS LE COMPLEXE D'ESPECES DU PUCERON DU POIS

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 4

Soumis par

Pierre Nouhaud

Auteurs et Orateurs

Pierre Nouhaud

Liste complète des auteurs - Affiliations

Pierre Nouhaud¹, Mathieu Gautier², Anaïs Gouin^{1,3}, Fabrice Legeai^{1,3}, Anthony Bretaudeau^{1,3}, Julie Jaquiéry¹, Jean Peccoud¹, Lucie Mieuxet¹, Frédérique Mahé¹, Claire Lemaitre³, Renaud Vitalis² & Jean-Christophe Simon¹

¹ INRA, UMR1349 IGEPP, F-35653 Le Rheu, France

² INRA, UMR CBGP (INRA – IRD – Cirad – Montpellier SupAgro), Campus international de Baillarguet, Montpellier-sur-Lez, France ³ INRIA Centre Rennes – Bretagne Atlantique, GenOuest, Rennes, France

Résumé

Acquérir une meilleure compréhension des mécanismes d'adaptation et de diversification biologique est un objectif majeur en biologie évolutive. Les cas de diversification dans des habitats multiples (radiations adaptatives) fournissent des réplicats naturels pour étudier les mécanismes génomiques sous-tendant ces processus. Nous nous intéressons à cette question chez le puceron du pois *Acyrtosiphon pisum*, un insecte phytophage qui présente un complexe de biotypes sympatriques spécialisés sur différentes espèces de Fabacées (légumineuses). Afin d'identifier des régions génomiques candidates pour l'adaptation à la plante-hôte chez cet organisme, une recherche de signatures de sélection par genome scan a été menée pour trois biotypes à l'aide de 400 locus microsatellites répartis sur l'ensemble du génome. Les marqueurs montrant des traces de sélection chez ces trois biotypes ont ensuite été analysés chez huit autres biotypes du puceron du pois. Nos résultats suggèrent que certaines régions candidates pourraient avoir contribué à de multiples reprises à l'adaptation à la plante-hôte lors de la diversification du puceron du pois. Nous avons également montré que ces régions contiennent des gènes impliqués dans des fonctions de reconnaissance ou d'exploitation de la plante-hôte. L'identification fine de régions génomiques sous sélection et des mutations causales est aujourd'hui rendue possible par les outils de séquençage haut-débit et dans ce contexte, un séquençage de populations de génomes de puceron du pois, ou *poolseq*, a été réalisé pour trois biotypes. Plus de 800,000 SNPs ont été identifiés et utilisés pour réaliser un *genome scan* à haute densité dont les résultats seront discutés.

Mots-clés

Scan génomique, locus outlier, biotypes, interactions plante-insecte

ARCHITECTURE GENOMIQUE DE L'ADAPTATION LOCALE ET DE L'ISOLEMENT REPRODUCTIF CHEZ LE BAR

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 4

Soumis par

François Bonhomme

Auteurs et Orateurs

François Bonhomme

Liste complète des auteurs - Affiliations

Pierre-Alexandre Gagnaire, Marie-Thérèse Augé, Nina Colombier, Erick Desmarais, Bruno Guinand, Nicolas Bierne, François Bonhomme
Institut des Sciences de l'évolution ISE-M, CNRS UMR5554, Université de Montpellier 2

Résumé

Le bar (*Dicentrarchus labrax*) est un modèle d'étude pertinent pour comprendre l'adaptation locale et la spéciation en présence de flux géniques importants typiques des espèces marines. Les populations d'Atlantique (bar) et de Méditerranée (loup) montrent un isolement reproductif partiel matérialisé par une zone de tension proche du détroit de Gibraltar tout en occupant chacune une mosaïque d'habitats écologiquement très contrastés (lagunes, estuaires, mer). Afin d'identifier les régions du génome influencées par la sélection locale et/ou les barrières d'isolement entre populations, nous avons génotypé plus de 150;000 SNPs par séquençage de fragments d'ADN associés à des sites de restriction (RAD-Seq). L'analyse des patrons de différenciation génétique entre habitats révèle l'existence de régions chromosomiques étroites où les fréquences alléliques reflètent le gradient écologique laguno-marin. Ces empreintes chromosomiques de la sélection locale contrastent fortement avec le paysage génomique de la différenciation entre les populations atlantiques et méditerranéennes, dont les régions différenciées s'étendent parfois sur plusieurs mégabases. Les variations du taux de recombinaison le long du génome apportent un éclairage sur les causes possible de l'origine et du maintien de ces îlots génomiques de différenciation, dans un contexte de contact secondaire post-glaciaire.

Mots-clés

RAD-seq , introgression, adaptation locale, barrière semi-perméable

ADAPTATION DU BRACOVIRUS DE COTESIA SESAMIAE IDENTIFIÉ PAR TARGETED RE-SEQUENCING

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 4

Soumis par

Jérémy Gauthier

Auteurs et Orateurs

Jérémy Gauthier

Liste complète des auteurs - Affiliations

Jérémy Gauthier¹, Philippe Gayral¹, Bruno Le Ru³, Stéphane Dupas², Gabor Gaypay⁴, Séverine Jancek¹, Laure Kaiser², Elisabeth A Herniou¹

1. CNRS UMR6035, Institut de Recherche sur la Biologie de l'insecte, Evolution des Virus Intégrés et Libres Université François Rabelais, Faculté des Sciences, Parc Grandmont 37200 Tours France

2. CNRS UR9034, IRD UR72, Université Paris-Sud, Laboratoire Evolution, Génome et Spéciation, Diversité, Ecologie et Evolution des Insectes Tropicaux, 1 avenue de la Terrasse 91198 Gif-sur-Yvette FRANCE. ICIPE, IRD UR72Duduville Campus, Kasarani Box 30772 00100 Nairobi KENYA. 4. CNRS UMR8030, Genoscope (CEA) 2 rue Gaston Crémieux 91057 Evry FRANCE

Résumé

Cotesia sesamiae est une espèce de guêpe parasitoïde qui s'attaque à plus de vingt espèces africaines de chenilles foreuses de tige. Le succès parasitaire de ces guêpes est lié à un virus symbiotique : le bracovirus (BV). Ce dernier dérive d'un grand virus à ADN, stablement intégré dans le génome de la guêpe. Les guêpes utilisent le BV pour introduire environ 140 gènes dans son hôte, induisant une immunosuppression et permettant le développement de ses larves. Cela fait du BV une région génomique particulièrement intéressante. Différentes études ont montré que des gènes du BV (ex: CrV1) étaient directement liés au succès parasitaire sur certains hôtes mais que ces gènes ne possédaient pas la même histoire évolutive (Histone H4, EP2, CrV1). De plus, la diversité des populations qui existent en Afrique est telle qu'elle permet d'observer un véritable «speciation continuum» allant de populations très proches à une sous espèce récemment divergentes. Afin d'avoir une vision plus globale du rôle de BV dans l'adaptation, nous avons réalisé une approche de targeted sequence capture du BV qui permet d'enrichir; cette région d'intérêt, et ce sur 25 échantillons représentatifs de différentes populations Africaines. Nous observons que cette méthode a été efficace puisqu'elle a permis d'obtenir une grande couverture (>1000X) pour les toutes les populations y compris les plus divergentes et l'outgroup. Cela nous a permis dans un premier temps, d'utiliser une méthode de phylogénomique pour établir les liens entre les échantillons. Ensuite, nous avons utilisé différents outils de génétique des populations tels que la mesure de la diversité génétique et de la différenciation (FST) entre les populations pour identifier les régions génomiques présentant une forte différenciation et donc liées à l'adaptation locale. Cette approche nous a permis de révéler la multiplicité des gènes soumis à la sélection et ainsi de mieux comprendre l'évolution du BV.

Mots-clés

Adaptation bracovirus FST

ANALYSES DES GENES ET DES GENOMES EN SYSTEMATIQUE : BIAIS CONCEPTUELS, ENJEUX

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 5

Soumis par

Guillaume Lecointre

Auteurs et Orateurs

Guillaume Lecointre

Liste complète des auteurs – Affiliations

Guillaume Lecointre, Nicolas Puillandre, Muséum National d'histoire Naturelle, Département Systématique et Evolution, rue Cuvier, F-75231 Paris Cedex 05)

Résumé

Les forces sociales à l'oeuvre dans l'évaluation de la science nous poussent à l'opérationnalisme. En conséquence, nous utilisons pour nos comparaisons de séquences ADN des outils d'analyse parce qu'ils sont disponibles et efficaces, mais pas toujours parce qu'ils sont adaptés aux questions posées. Par exemple, même en systématique, science des classifications, il arrive encore que nous créions des concepts classificatoires à partir de procédures purement divisives ; ce qui est une aberration rationnelle. Bref, nos procédures ne sont pas toujours épurées. Nous distinguerons donc le tri, de l'assignation et de la classification. Nous verrons que les procédures divisives ou agglomératives ne sont pas également légitimes dans les trois activités. Enfin, la raison classificatoire sera abordée (ce que l'on pourrait appeler le "cahier des charges" de nos catégories), et la signification qui peut être apportée à des procédures qui maximisent la cohérence des partages de traits entre taxons (ou OTUs). Ces considérations s'illustrent dans une taxonomie intégrative pertinente dont nous montrerons les enjeux au travers d'exemples issus de travaux sur les mollusques. Que l'on analyse des gènes ou bien des génomes, ces considérations ont une portée générale, quels que soient les buts que l'on assigne à la génomique comparative (environnementale ou non).

MAPPING TROPICAL BIODIVERSITY VIA DNA METABARCODING WITH A FOCUS ON PLANT AND SOIL FUNGAL COMMUNITIES

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 5

Soumis par

Lucie Zinger

Auteurs et Orateurs

Lucie Zinger et Pierre Taberlet

Liste complète des auteurs – Affiliations

Lucie Zinger* - EDB UMR CNRS-UPS 5174, Toulouse, France ; Heidy Schimann – UMR EcoFoG, Kourou, French Guiana ; Audrey Sagne – UMR EcoFoG, Kourou, French Guiana ; Mélanie Roy - EDB UMR CNRS-UPS 5174, Toulouse, France ; Amaia Iribar - EDB UMR CNRS-UPS 5174, Toulouse, France ; Aurélie Bonin - LECA UMR CNRS-UJF 5553, Grenoble, France ; Eric Coissac – LECA UMR CNRS-UJF 5553, Grenoble, France ; Ludovic Gielly – LECA UMR CNRS-UJF 5553, Grenoble, France ; Jérôme Chave – EDB UMR CNRS-UPS 5174, Toulouse, France ; Pierre Taberlet – LECA UMR CNRS-UJF 5553, Grenoble, France

Résumé

One of the major hurdles in predicting how biological diversity will respond to environmental factors is the limit to compile large and standardized diversity data that are repeatable over time. Taking advantages of the emergence of next generation sequencing technologies, we developed a new approach, the "DNA metabarcoding", which consists in compiling high-resolution taxa inventories by using short DNA fragments. Using such short markers indeed allows accessing all DNA from environmental samples, included the degraded one. We applied this approach in a tropical rainforest (Nouragues Biological Station, French Guiana), where 361 soil samples were collected (up to 10 cm-depth) in 1 ha-plot, with a grid step of 5 m. Extracellular DNA was extracted on the field, and amplified later on, using a large panel of universal primers pairs targeting each Eukarya, Plants, Fungi or Termites. Sequences obtained with the Eukarya marker showed that Fungi and Metazoa dominated in tropical soils. This technique further allowed us to draw hundreds of high-resolution maps of taxa distribution. Plants maps corresponded to field observations, showing that DNA metabarcoding is a robust, suitable method to investigate biodiversity in a high-throughput manner.

Using these molecular inventories, we further examined the patterns of diversity all soil fungal taxa, as well as of particular fungal functional guilds (i.e. Glomeromycetes [mutualistic endophytes], Agaricomycetes [ectomycorrhizal fungi/saprotrophs], and Sordariomycetes [pathogenic endophytes]), and determined whether they correlated with those of plants, as we expect these two kingdoms to intimately interact in a mutualistic or negative way. Our results revealed that tropical soil fungi are highly diverse (~12,000 OTUs at 97% sequence similarity) and display non-uniform, but spatially autocorrelated taxa richness and community composition at the plot scale. Finally, fungal richness and community composition did not correlated with plant ones in general, and a significant relationship was observed only when focusing on Agaromycetes. This analysis therefore provides interesting insights into how tropical soil fungi are spatially distributed, and further suggests that many/abundant soil fungal groups are not plant-associated and/or poorly host specific, questioning widespread ideas on fungi-plant diversity relationship and interactions at the community scale.

Mots-clés

Keywords: DNA metabarcoding, next-generation sequencing, spatial distribution, diversity patterns, plant-fungi associations

METAGENOMIC APPROACHES TO STUDY METAZOAN GENOMIC DIVERSITY: WHAT CAN WE EXPECT?

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 5

Soumis par

Benjamin Linard

Auteurs et Orateurs

Benjamin Linard

Liste complète des auteurs - Affiliations

B. Linard^{1*}, A. Crampton-Platt¹, M. Timmermans¹, A. Vogler¹ Department of Life Sciences, Natural History Museum London, United Kingdom Cromwell Road, London SW7 5BD, United Kingdom. *Speaker ; Mail: b.linard@nhm.ac.uk; Tel.: +44 (0)20 7942 6018

Résumé

Progresses in DNA high-throughput sequencing technology are a revolution for biodiversity studies. Today, fast and cost-effective production of bacterial metagenomes gives new insights in microbial diversity [1] and functional ecology of communities [2]. We got a step closer to the understanding of broad scale patterns of diversity, from genes to ecosystems, despite technical and methodological gaps that still need to be resolved. Moreover, this knowledge proved to be essential in applications such as bioprospecting [3], medical monitoring [4] or environmental remediation [5]. Despite these successes, there are relatively few attempts to apply similar approaches on macroscopic communities. In this context, the Natural History museum has launched a new initiative to link genomics, biodiversity and ecology theories through the development of new theoretical ecological frameworks [6]. Focusing on tropical forests, one of the most complex ecosystems on Earth, its aim is to use standardized subsampling and spatially defined plots to model taxonomic richness and turnover, employ the latest sequencing technology for the site-based analysis of taxonomically intractable groups and calibrate new DNA-based approaches against classical taxonomy to link biodiversity and genomic information to ecosystem function and process data and ultimately to inform environmental policy. In this context, one of our pilot project focuses on the analysis of arthropod communities. Our aim is to rapidly generate arthropod metagenomes from raw environmental samples and develop new methodologies to estimate their taxonomic and functional diversity. Our preliminary results show that mitochondrial and genomic information can be rapidly extracted from a single arthropod "soup", a direct extraction of DNA followed by low-cost sequencing and genomic analyses. In such samples, meta-mitogenomics [7] can help to identify most of the species present in the sample but such approach is focused on only 5% of the metagenomics reads. Consequently, we started to investigate the remaining 95% DNA. We used comparative genomics to analyse the DNA of a phylum where few complete genomes are sequenced and we made progresses to identify conserved/variable arthropod genomic regions and potential new coding-regions. We will also discuss how such routine low-coverage metagenomic can be used to compare several communities not only in terms of species diversity but also to introduce functional diversity. Indeed, DNA similarities/discrepancies between different communities are important to characterize and compare ecosystems, making a link between evolutionary and ecological approaches and extending biodiversity monitoring protocols.

Références bibliographiques

[1] Emerging trends in genomic approaches for microbial bioprospecting. Akondi KB, Lakshmi VV. OMICS. 2013 [2] The importance of metagenomic surveys to microbial ecology: or why Darwin would have been a metagenomic scientist. Gilbert JA, O'Dr R, King N, Vogel TM. Microb Inform Exp. 2011 [3] Application of metagenomic techniques in mining enzymes from microbial communities for biofuel synthesis. Xing MN, Zhang XZ, Huang H. Biotechnol Adv. 2012 [4] Human nutrition, the gut microbiome and the immune system. Kau AL, Ahern PP, Griffin NW, Goodman AL, Gordon JI. Nature. 2011 [5] Assessing the resistance

and bioremediation ability of selected bacterial and protozoan species to heavy metals in metal-rich industrial wastewater. Kamika I, Momba MN. BMC Microbiol. 2013[6] <http://www.nhm.ac.uk/research-curation/research-initiatives/biodiversity/index.html>[7] Targeted multiplex next-generation sequencing: advances in techniques of mitochondrial and nuclear DNA sequencing for population genomics. Hancock-Hanser BL, Frey A, Leslie MS, Dutton PH, Archer FI, Morin PA. 2013

Mots-clés

Biodiversity, metagenomics, arthropod genome, functional genomics

RESULTS AND LIMITS OF COI BARCODING FOR THE EXPLORATION OF THE SOUTHERN OCEAN BIODIVERSITY AND EVOLUTION: ARE MITOGENOMES THE ANSWER ?

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 5

Soumis par

Agnès Dettai

Auteurs et Orateurs

Agnès Dettai

Liste complète des auteurs - Affiliations

Dettai A1, Gallut C1, Brouillet S2, Pothier J2, Lecointre G,1, Lautrédou, A.C.1, Monniot F.3, Couloux, A.4, Debruyne R5.

1 UMR7138 SAE, Muséum National d'histoire Naturelle, CP26, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05;

2 Atelier de BioInformatique, UFR 927, Université Pierre et Marie Curie, Paris, France ;

3 UMR 5178 BOME, Muséum national d'histoire naturelle, CP26, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05.

4 Géoscope. Centre National de Séquençage. 2, rue Gaston Crémieux, CP5706, 91057 Evry cedex, France;

5 UMS 2700 OMSI, Muséum National d'histoire Naturelle, CP26, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05.

Résumé

Recent molecular systematics studies of many taxonomic groups have greatly developed our knowledge of marine antarctic biodiversity and its evolution. Unveiling unexpected evolutionary patterns and cryptic species, the results laid the groundwork for further large integrative studies for many taxonomic groups. We will here present some of these results for teleost fish and ascidians, for mitochondrial barcode marker COI and some complementary nuclear markers. However, to go further in these studies, we need an array of easily obtainable, highly variable sequence markers using the revolution in sequencing techniques represented by next generation sequencing (NGS). Complete mitochondrial genome sequences have been increasingly used in systematics and evolutionary studies in the recent years. They possess interesting features for the problem at hand, but obtention through classical PCR and sequencing approaches remains heavy. Starting in 2000 (Pollock et al. 2000, Timmermans et al. 2010, Dettai et al. 2012), there have been proposals and tests for multiplexed, non-tagged sequencing based on the dissimilarity of the mitogenome sequences of distant organisms for sorting and attribution of the sequences. This, combined to the sequencing power of NGS, now makes mitogenome sequencing technically and economically interesting even for large scale comparative studies. The whole mitogenome needs to be completed with independent nuclear sequence markers for in depth evolutionary studies. However, the complete mitochondrial genome represents a considerable improvement over single mitochondrial markers. The additional data provides many more informative sites, as well as gene order. The data generated is also compatible and can thus be combined with previous mitochondrial based studies and projects, like the Barcode of Life for Antarctic species. Mitogenome data can also be used for metagenomics studies on zooplankton or meiofaunal complex samples, and yield more variable sequences than the commonly used 18S rDNA. However, the approach needs to be tested and developed to establish the best preservation techniques and extraction and sequencing protocols for various taxonomic groups, as well as developing the data assembly and analyses. We present here the approach and some results for carefully selected taxa (fish and ascidians).

Références bibliographiques

Dettai A, Gallut C, Brouillet S, Pothier J, Lecointre G, Debruyne R. Conveniently pre-tagged and pre-packaged: extended molecular identification and metagenomics using complete metazoan mitochondrial genomes. *PlosOne*;7(12): e51263. DOI: 10.1371/journal.pone.0051263 ;Pollock DD, Eisen JA, Doggett NA, Cummings MP. 2000. A case for evolutionary genomics and the comprehensive examination of sequence

biodiversity. Mol Biol Evol 7: 1776-1788. Timmermans MJ, Dodsworth S, Culverwell CL, Bocak L, Ahrens D, Littlewood DT, Pons J, Vogler AP (2010) Why barcode? High-throughput multiplex sequencing of mitochondrial genomes for molecular systematics. Nucleic Acids Res 38(21): e197. doi: 10.1093/nar/gkq807.

Mots-clés

Mitogenome, cytochrome oxidase 1, barcoding, Antarctic, marine biodiversity

ALGAL BARCODING IN FRANCE ALLOWED ADDRESSING QUESTIONS FROM SYSTEMATICS TO ECOLOGY

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 5

Soumis par

Line Le Gall

Auteurs et Orateurs

Line Le Gall

Liste complète des auteurs - Affiliations

Line Le Gall¹, Alexandre Geoffroy^{1, 2, *}, Marine Robuchon^{1, 2}, Lucía Couceiro², Viviana Peña¹, Delphine Gey^{1,3}, Stéphane Mauger², Christophe Destombe², Bruno de Reviers¹, Florence Rousseau¹ and ;Myriam Valero²

¹Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN), UMR 7138, Systématique, Adaptation et Evolution, 57 rue Cuvier, CP 39, 75231 Paris Cedex 05, France.

² CNRS UPMC Univ Paris 06, UMR 7144, Équipe "BEDIM", Station Biologique de Roscoff, Place Georges Teissier, F-29682 Roscoff Cedex, France.

³ UMS 2700 Service de Systématique moléculaire, Muséum National d'histoire Naturelle, 75231 cedex 05 Paris, France.

*Current address: Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, UMR113 – INRA/AGROM/CIRAD/IRD/UM2 – TA10/J, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

Résumé

Bibliothèque du vivant offered a significant contribution to several research projects, including two PhD theses, focusing on seaweeds diversity at both the Muséum national d'histoire naturelle and the Station biologique de Roscoff. Comprehensive sampling strategies were designed to survey the algal flora along the French coast of the Atlantic and the Mediterranean Sea with the support of many marine protected areas and marine stations. This approach led us to detect many cryptic species and to conduct further study (using multilocus markers and comprehensive sampling) to assess whether they were native species that remained overlooked (i.e. *Pylaiella littoralis*, see poster) or alien species (Maggs et al. 2013). This last case was well illustrated by the detection of several haplotypes of *Polysiphonia morrowii* in both Atlantic and Mediterranean coasts (Geoffroy et al. 2012). This latter species, which had probably remained undetected, for years, because of its morphological resemblance with native species, has recently been recorded in many temperate waters around the world and we are currently trying to infer its introduction routes from haplotype data. Barcoding the algal flora contributed to better circumscribe the actual distribution of species (e.g. Machin et al. subm., Pardo et al. subm.). Despite the well-known endemism of the Mediterranean diversity, Atlantic and Mediterranean flora have numerous recorded taxa in common. Our barcoding analysis revealed that many of those taxa exhibited significant divergence (> 1%) between Atlantic and Mediterranean populations, suggesting that they are actually closely related species, resulting from allopatric speciation (Verges et al. subm.). Last but not least, barcoding approaches were very efficient to study life history traits (e.g. Peña et al. 2013). For instance, a growing number of studies suggested that kelp microscopic forms can resist harsh conditions and participate to adult recovery as terrestrial seed banks; however, direct evidence were lacking. The study of the bank of kelps microscopic stages were conducted by culturing small rocky samples from the field and barcoding the resulting kelp recruits (Robuchon et al. subm.).

Références bibliographiques

Geoffroy, A., Le Gall, L., Destombe, C. (2012) (<http://dx.doi.org/10.1016/j.aquabot.2012.03.002>). Cryptic introduction of the red alga *Polysiphonia morrowii* Harvey (Rhodomelaceae, Rhodophyta) in the North Atlantic Ocean highlighted by a DNA barcoding approach. *Aquatic Botany*, 100: 67-71. Machín-Sánchez, M., Le Gall, L., Neto, A.I., Rousseau, F., Cassano, V., Senties, A., Fujii, M.T., Díaz-Larrea, J., Prud'Homme,

W.F., Bonillo, C., Gil-Rodríguez, M.C. (2013). A combined barcode and morphological approach to the systematics and biogeography of *Laurencia pyramidalis* and *Laurenciella marilzae* (Rhodophyta). *European Journal of Phycology*. Subm. Maggs, C.A., Le Gall, L., Mineur, F., Provan, J. Saunders, G.W. (2013). *Fredericqia deveauniensis*, gen. et sp. nov. (Phyllophoraceae, Rhodophyta): A new cryptogenic species. *Cryptogamie Algologie*, 34: 273-293. Pardo, C., López, L., Peña, V., Hernández-Kantún, J., Le Gall, L., Bárbara, I., Barreiro, R. (2013). A multilocus species delimitation reveals a striking number of maerl species in the OSPAR area. *Molecular Ecology Resources*. Subm. Peña, V. Hernández-Kantún, J., Grall, J., Pardo, C., López, L., Bárbara, I., Le Gall L., Barreiro, R. (2013). Detection of gametophytes in the maerl-forming species *Phymatolithon calcareum* (Melobesioideae, Corallinales) assessed by DNA barcoding. *Cryptogamie Algologie*. In press. Robuchon, R., Couceiro, L., Peters, A.F., Destombe, C., Valero M. (2013) Examining microscopic bank in kelps using culturing and barcoding. *European Journal of Phycology*. Subm. Verges, A., Gey, D. Utge, J.M., Cruaud, C., Le Gall, L. (2013). DNA barcode study of *Kallymenia* from Mediterranean supports the recognition of a novel species from Croatia. *European Journal of Phycology*. Subm.

Mots-clés

Algal, Mediterranean and Atlantic diversity, cryptic species, cryptic introduction

APPLICABILITY OF RAD SEQUENCING TO INFER INTER-SPECIFIC RELATIONSHIPS: EMPIRICAL DATA FROM THREE MODEL SYSTEMS

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 5

Soumis par

Eric Plante

Auteurs et Orateurs

Eric Pante, Astrid Cruaud, Amélia Vincel

Liste complète des auteurs - Affiliations

Cetacean work: [Amélia Viricel1*](#), Eric Pante1*, Benoît Simon-Bouhet1

Coral work: [Eric Pante1*](#), Régis Debruyne2, Delphine Gey2, Marie-Catherine Boisselier3, Sarah Samadi3

Insect work: [Astrid Cruaud4*](#), Mathieu Gautier4, Maxime Galan4, Julien Foucaud4, Laure Sauné4, Thierry Deuve5, Jean-Yves Rasplus4

1. Laboratoire LIENSs, UMR 7266 CNRS – Université de La Rochelle, La Rochelle, France

2. Département Systématique et Evolution, UMS 2700 MNHN-CNRS, Muséum national d'Histoire naturelle, Paris, France

3. Département Systématique et Evolution, UMR 7138 UPMC-IRD-MNHN-CNRS (UR IRD 148), Muséum national d'Histoire naturelle, Paris, France

4. INRA - UMR 1062 CBGP (INRA/IRD/CIRAD/SupAgro) Montferrier-sur-Lez, France

5. Département Systématique et Evolution, UMR 7205 CNRS-MNHN, Paris, France

Résumé

Restriction site-Associated DNA tag sequencing (RADseq) has become a popular approach to generate thousands of SNPs for population genomics. However, the suitability of RADseq genotyping to address evolutionary questions across divergent species has been the subject of only a few recent studies, two of them being *in silico*. We tested the applicability of RADseq across inter-specific to inter-familial evolutionary scales using three model taxa: cetaceans from two families, a genus of deep-sea corals, and a genus of beetles. RADseq analysis (enzyme Not1) across two cetacean species belonging to different families (short-beaked common dolphin: Delphinidae; harbor porpoise: Phocoenidae) revealed that many orthologous loci could be obtained at this taxonomic level. Indeed, 66% of the total number of loci genotyped in a single species were also present in all individuals of the inter-familial comparison. Divergence time between these two families of cetaceans is recent (estimated at 14-19 myr). Our results are in agreement with the findings of two recent *in silico* studies, predicting that a large proportion of loci should be retained when RADseq analysis is conducted within taxonomic groups that diverged recently. Our second biological model is a group of deep-sea corals, the species-rich genus *Chrysogorgia* (~60 spp). The comparison of morphological and mitochondrial characters suggested that a single mutation in the first 700 nucleotides of the mtMuts gene could separate species. In our RADseq analysis (enzyme Sbf1), the number of orthologous loci decreases very quickly in this genus, with more than 95% of the loci lost when individuals separated by one mutation at mtMuts are compared. Species from different clades, separated by 11 and 15 mutations at mtMuts, have virtually no common loci (0.2% and 0%, respectively) using the same analytical parameters. Thus, these RADseq data will guide species delimitation in *Chrysogorgia*, but only among closely related species. Finally, we tested RADseq (Enzyme PstI) to reconstruct phylogenetic relationships between species of beetles (*Carabus*, Coleoptera) on which we already inferred a dated but poorly resolved phylogeny, using Sanger data (7.5Kb nu, mt). We used two nested datasets to evaluate the depth of RAD markers usefulness. The first data set (*Chrysocarabus*) contained 7 species (12 specimens) + 1 outgroup. The crown age of this clade was dated back to 7.2 Ma. The second data set (*Carabus*) added a grade of 5 species that diverged from the backbone of our chronogram from 9.7 to 17Ma. All species were sequenced on 1.7 Mbp. The *Carabus* dataset contained 30 Mbp, with an average of 30% missing nucleotides (percentage increasing with the age of the

divergence). The *Chrysocarabus* dataset contained 20 Mbp, with an average of 14% missing nucleotides. Both topologies, inferred using ML approaches, were perfectly congruent with our Sanger topology, though fully resolved (Bootstrap support > 95% for all nodes). The three examples presented here demonstrate the potential of RADseq beyond the population level, but emphasize the need to carefully consider divergence times and enzyme choice.

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 5

Soumis par

Eva-Maria Geigl

Auteurs et Orateurs

Eva-Maria Geigl

Liste complète des auteurs - Affiliations

S. De Lima Guimaraes, M. Pruvost, T. Grange, E.-M. Geigl Institut, Jacques Monod, UMR 7592, Paris

Résumé

L'étude de l'évolution de la vie a été fortement enrichie par l'approche paléogénomique, c'est-à-dire, l'étude des génomes d'organismes et de populations ayant vécu dans le passé préservés dans des restes biologiques. Ces restes d'organismes vivant il y a plus ou moins longtemps étant, pour la plupart, enfouis dans le sol, ils deviennent des échantillons environnementaux. Ainsi, le pourcentage d'ADN endogène est minoritaire par rapport à l'ADN d'origine microbienne. Cette situation pose un défi particulier au séquençage massivement parallèle et requiert, pour des raisons de rentabilité, soit un enrichissement des séquences ou du génome que l'on veut analyser. Nous avons développé une approche permettant l'analyse d'un nombre limité de cibles génétiques en combinant la PCR multiplexe et le séquençage Ion Torrent conçu pour l'analyse d'échantillons archéologiques anciens. Cette approche a été expérimentée sur plusieurs projets écologiques et archéologiques, entre autres sur des ossements de rongeurs originaires de plusieurs couches stratigraphiques d'une grotte au Maroc et datées jusqu'à 70;000 ans dans le cadre d'un projet d'analyse d'évolution de la biodiversité du Pléistocène moyen à l'Holocène. Elle ouvre la porte à des analyses peu coûteuses de beaucoup d'échantillons en peu de temps, comme cela est nécessaire pour répondre aux nécessités de la communauté archéologique.

Mots-clés

Biodiversité, évolution, paléogénomique

Type de résumé

Oral presentation

Session

Session 5

Soumis par

Sarah Samadi

Auteurs et Orateurs

Sarah Samadi

Liste complète des auteurs - Affiliations

Sarah Samadi, Marie-Catherine Boisselier, Céline Bonillo, Philippe Bouchet, Julien Brisset, Barbara Buge, Magalie Castelin, Laure Corbari, Delphine Gey, Lee-Ann Galindo, Jean-Lou Justine, Josie Lambourdière, Line Le Gall, Stéphanie Le Prieur, Pierre Lozouet, Nicolas Puillandre, Florence Rousseau, Bruno de Reviers, Charlotte Schoelinck, Justine Thubaut, Jose Utge, Dario Zuccon, MNHN, Département Systématique & Evolution et Direction des collections, 57 rue Cuvier 75005 Paris CEDEX 5

Résumé

Les organismes marins benthiques, parce que leur habitat nous est peu accessible, font partie des compartiments de biodiversité pour lesquels la part de l'inconnu reste grande. Les équipes du MNHN et de l'IRD ont, depuis une quarantaine d'années, développé d'ambitieux programmes de collectes et de systématique des organismes du benthos, notamment des milieux profonds, et principalement dans les aires de forte biodiversité du Pacifique Sud-Ouest. Depuis le lancement du projet « Barcode of Life », les équipes du MNHN ont été fortement impliquées dans le développement de bibliothèques de données alliant approches taxonomiques classiques et systématique moléculaire, en s'appuyant sur la dynamique des explorations naturalistes et la constitution de collections d'histoire naturelle. Cette présentation vise à décrire la démarche scientifique qui a gouverné ces développements. Cette démarche se fonde sur la traçabilité et la répétabilité des résultats, permises d'une part par la constitution de collections de références, et d'autre part sur un plan d'échantillonnage ancré dans les approches comparatives de la biologie de l'Evolution. D'un point de vue empirique, le succès du projet a reposé sur les partenariats développés avec le Genoscope et notamment le dernier programme en date «Bibliothèque du Vivant» (13 projets et environ 300 plaques). Cette présentation sera l'occasion de tirer un bilan quantitatif (combien d'espèces documentées ?) et qualitatif (quelles lacunes comblées dans les bases de données ?) des résultats acquis grâce à ce partenariat. Enfin, au travers d'exemples choisis parmi ces 13 projets, l'importance de ces données pour tester les hypothèses concernant l'origine évolutive des organismes sera illustrée. En guise de perspective, l'avenir de ce programme à l'heure du développement des nouvelles technologies sera discuté.

Mots-clés

Biodiversité, MarBol, Benthos, Systématique intégrative, Exploration naturaliste, Collections,

Poster n°1

Auteur

Jawad Abdelkrim

Liste complète des auteurs - Affiliations

Jawad Abdelkrim¹, Jose Utge¹, Régis Debruyne¹, Marie-Catherine Boisselier^{1,2}, Eric Pasquet^{1,3}

1. Département Systématique et Evolution, UMS 2700 "Outils et Méthodes de la Systématique Intégrative" MNHN-CNRS, Service de Systématique Moléculaire, Muséum national d'Histoire naturelle
2. UMR 7138 CNRS-MNHN-UPMC Systématique, Adaptation, Evolution
3. UMR 7205 CNRS-MNHN Origine, Structure et Evolution de la Biodiversité

Résumé

La première moitié des années 2000 a marqué l'apogée d'une partition entre deux approches d'investigation de la diversité moléculaire dans le Vivant. D'une part, les projets de séquençage de génomes complets se sont intensifiés autour d'un nombre, certes toujours croissant, mais limité d'organismes modèles qui ont focalisé les moyens (financiers, humains et techniques). Les avancées conceptuelles en génomique structurale et fonctionnelle ou en épigénomique ont été accompagnées de développements techniques dédiés, parmi lesquels l'avènement d'une nouvelle génération de séquenceurs d'ADN centrés sur la maximisation du débit de séquençage pour des banques génomiques totales. L'expansion rapide des Nouvelles Technologies de Séquençage (NTS) qui a suivi a profondément remodelé le paysage des sciences de l'évolution, en ouvrant de nombreuses perspectives gravitant essentiellement autour du séquençage de génomes complets et de leurs associés : transcriptome, exome, méthylome, etc. A l'opposé de cette approche longitudinale de la diversité, les travaux mis en oeuvre en systématique et en écologie ont continué exploré des voies plus transversales, visant à quantifier, décrire et organiser plus efficacement la biodiversité au niveau moléculaire. Cette deuxième approche est particulièrement bien caractérisée par l'analyse de barcodes moléculaires (projet Barcode of Life) telle qu'elle a été introduite par Hebert et al. en 2003 : recherche de marqueurs moléculaires homologues à la fois partagés le plus transversalement aux taxons et diagnostiques des espèces. Elle s'est rapidement heurtée à la faible adéquation des plateformes de NTS à ses besoins expérimentaux. Ainsi, si les NTS ont été rapidement intégrées à des projets d'envergure de mesure de la biodiversité par des approches métagénomiques (Taberlet et al. 2012), elles ont en revanche montré leurs limites quant au développement de projets de constitution des bases de données de référence de type BoL (séquençage ciblé de faibles fractions génomiques pour de nombreux organismes non-modèles) qui sous-tendent ces projets d'inventaire. Au MNHN, la plateforme du Service de Systématique Moléculaire (SSM) joue depuis sa création en 1993 un rôle important dans la mise en oeuvre des projets d'étude moléculaire de la biodiversité. Aujourd'hui, le SSM se positionne pour permettre une transition efficace des projets associant de façon objective spécimens de référence et séquences génétiques en intégrant les NTS. Ces dernières années ont vu fleurir de multiples approches visant à tirer le meilleur parti des NTS dans ce cadre (McCormack et al. 2013). Pour faciliter cette évolution technique et en imposer les tenants conceptuels, le SSM s'est doté d'une plateforme de séquençage de type PGM (Ion-Torrent). Elle a déjà permis de mettre en place en interne des protocoles efficaces de Targeted Amplicon Sequencing (Bybee et al. 2011), et de RADseq (Baird et al. 2008). Elle est également une opportunité de développements empruntant deux voies parallèles. La première vise à l'adoption de nouvelles méthodes de recherche et d'analyse de marqueurs homologues à l'échelle des génomes complets. La deuxième a pour objectif de faciliter le multiplexage inter-individuel des banques d'ADN tout en maintenant la traçabilité des spécimens associés.

Références bibliographiques

Baird, N.A., Etter, P.D., Atwood, T.S., Currey, M.C., Shiver, A.L., Lewis, Z.A., et al. (2008) Rapid SNP discovery and genetic mapping using sequenced RAD markers. *Plos One*, 3(10):e3376. Bybee, S.M., Bracken-Grissom, H., Haynes, B.D., Hermansen, R.A., Byers, R.L., Clement, M.J., et al. (2011) Targeted amplicon sequencing (TAS): a scalable next-gen approach to multilocus, multitaxa phylogenetics. *Genome Biol Evol.*, 3, 1312–1323. Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L., & deWaard, J.R. (2003) Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. R. Soc. Lond. B*, 270, 313–321. McCormack, J.E., Hird, S.M.,

Zellmer, A.J., Carstens, B.C., Brumfield, R.T. (2013) Applications of next-generation sequencing to phylogeography and phylogenetics. *Mol Phylogenet Evol.*, 66(2), 526–38. Taberlet, P., Coissac, E., Pompanon, F., Brochmann, C., & Willerslev, E. (2012). Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Mol Ecol.*, 21(8), 2045–2050.

Mots-clés

NTS, biodiversité, systématique moléculaire, espèces non-modèles, homologie, multiplexage, traçabilité

GENOME SIZE VARIATION AND EVOLUTIONARY DYNAMICS OF THE REPETITIVE COMPARTMENT IN MEDITERRANEAN AND AFRICAN LUPINES (LUPINUS ; FABACEAE).

Poster n°2

Auteur

Abdelkader Ainouche

Liste complète des auteurs - Affiliations

Guillaume Martin^{1,4}, Mourad Samar¹, Frédéric Mahé¹, Olivier Coriton², Petr Novak³, Jiri Macas³, Abdelkader Ainouche¹

1 Laboratoire Ecosystèmes-Biodiversité-Evolution, Université de Rennes-1, France;

2 Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), UMR APBV INRA- Agrocampus Rennes, France

3 Plant Molecular Biology lab , Academy of Sciences , Ceskè Budejovice , Czech Republic

4 Current address: CIRAD, UMR AGAP, F-34398 Montpellier, France

Résumé

The repetitive compartment, including tandem and interspersed repeats, may account for much in the Eukaryote genomes, particularly in plants. These repeats play an important role in the structural and functional dynamics of the genomes and are often involved, such as transposable elements for instance, in various environmental or genomic stress responses. In this context, we investigate the evolutionary dynamics of the repetitive compartment in the legume genus *Lupinus* to identify the repeats and mechanisms that are involved in the noteworthy genome size variation (970 to 2400 Mb) which accompanied adaptive and diversification processes in this plant system. For this purpose, particular attention is focused on comparative genomic analyses of closely related lupine species, which have remarkable genome size differences, and are adapted to contrasted ecological conditions in the Mediterranean and North African regions. Preliminary analyses based on molecular cytogenetic and transposon-display approaches revealed a high diversity of retrotransposons of ancient and recent origins in lupine genomes, and provided evidence that amplification of Gypsy-like retrotransposons is clearly responsible of the largest genome size observed among the lupines. Using high-throughput sequence data generated by NGS technologies (454 Roche and Illumina HiSeq), a more accurate evaluation of the different classes and families of repeats was performed on four lupines species with small and large genomes. The massively-parallel sequences were analyzed via a specific pipeline, RepeatExplorer, dedicated to repeats detection and annotation in non-model organisms, based on read similarities and graph-based clustering methods. The results revealed: (1) that the repetitive compartment represents at least 14 % of the smallest genome in the East African lupine *L. princei*, and reaches 60 % in the largest genome of the western African *L. atlanticus* and 52 % in the Mediterranean *L. luteus* which has the largest genome; (2) that different patterns of repeat dynamics have been involved in genome size variation, with lineage-specific amplifications of retrotransposons (mainly Gypsy elements) in Mediterranean species (37.4% of the large genome of *L. luteus*), and unexpectedly tandem repeats (essentially microsatellites) in African species (50 % of SSRs in the largest African genome, *L. atlanticus*). These results indicate that, rather than retrotransposons, SSRs played an important role in genomes during the recent (> 2 MY) radiation / fragmentation of Old World lupines in North Equatorial Africa, which; suggest that different mechanisms were involved in the genome evolutionary dynamics along with the diversification of lupines in various Mediterranean and African ecogeographical conditions.

Mots-clés

Lupinus diversification, genome size variation, NGS data, repetitive DNA, transposable elements, tandem repeats, SSRs.

PHYLOGEOGRAPHY AND EVOLUTIONARY HISTORY OF A COSMOPOLITAN RAPTOR, THE OSPREY PANDION HALIAETUS, REVEALED BY MITOCHONDRIAL DNA: IMPLICATIONS FOR CONSERVATION.

Poster n°3

Auteur

Véronique Arnal

Liste complète des auteurs - Affiliations

F. Monti 1-2, O. Duriez 1, V. Arnal 1 and C. Montgelard 1

1 Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive (CEFE-CNRS), EPHE-University of Montpellier

2, Montpellier, France. 2 Department of Biology and Evolution, University of Ferrara, Ferrara, Italy.

Résumé

Despite wide differences in ecology and habitats across a world-wide distributional range, osprey populations appear to be poorly differentiated from a morphological point of view. The most widely accepted taxonomic arrangement recognises a single species, *Pandion haliaetus*, with four subspecies classified on the basis of morphometric and plumage characteristics: *P. h. haliaetus* in Palearctic and Africa, *P. h. carolinensis* in North America, *P. h. ridgwayi* in Carribeans, and *P. h. cristatus* in Indo-Pacific and Oceania. Despite this, the taxonomic status is still controversial and the species' evolutionary history is not well understood. Here we present an extensive phylogeographic study based on mitochondrial DNA sequence (cytochrome b) extracted from >200 samples (both fresh tissues and ancient museum specimens) covering the totality of the world distribution for this species. The greatest genetic divergence was found between the Americas (combining spp *carolinensis* and *ridgwayi*) and all other populations. In the Old World, the phylogenetic analysis revealed three different branches for birds from Palearctic-Africa, Oceania and some birds from Indonesia. These results suggest at least 3 or 4 possible Evolutionary Significant Units (ESU). Contrary to current taxonomy, North American *carolinensis* ospreys did not differ from *ridgwayi* birds from the Caribbean. In the Western Palearctic, no genetic structure was detected between the most distant populations, from Finland to Mediterranean and the Atlantic islands. On the other hand, the existence of previously unknown lineage and ESU from Indonesia remains to be confirmed by further studies. Finally, we discuss hypothetical evolutionary scenarii explaining how species' distribution and differentiation took place during the past. This work has implications for conservation strategies, not only by defining important areas for conservation, but also by helping prevent exchanges or introductions of individuals originating from different lineages.

Mots-clés

Pandion haliaetus, Phylogeography, cytochrome b, conservation

VALORISATION DE LA LIGNOCELLULOSE : ANALYSE FONCTIONNELLE DE CONSORTIA MICROBIENS ENRICHIS

Poster n°4

Auteur

Lucas Auer

Liste complète des auteurs - Affiliations

Lucas Auer*, Adèle Lazuka*, Sandrine Païsse*, Michael O'Dnohue* et Guillermina Hernandez Raquet*;

*LISBP, UMR5504, UMR792, CNRS, INRA, INSA, 135 avenue de Rangueil, 31077 Toulouse, FRANCE.

Résumé

La valorisation de déchets végétaux lignocellulosiques par la production d'énergie et de précurseurs chimiques est un objectif scientifique et économique dans une perspective de développement durable. La lignocellulose est une matrice dont la dégradation est difficile mais peut se faire par l'effet combiné de traitements physico-chimiques et de l'action d'hydrolyse enzymatique bactérienne de quelques souches sélectionnées. Cependant, cette approche, classique, atteint ses limites dans le cas d'un substrat complexe comme la lignocellulose. L'alternative est le développement de cultures mixtes, sélectionnées pour transformer la lignocellulose en produits de fermentation précurseurs de molécules énergétiques ou d'intérêt en pétrochimie. Dans la nature, la lignocellulose est dégradée par de nombreuses familles d'enzymes, produites par différents organismes, et qui agissent en synergie. L'utilisation de cultures mixtes a plusieurs avantages par rapport aux cultures pures. Elle permet d'augmenter la diversité métabolique, ce qui est nécessaire pour la dégradation de la lignocellulose. Les cultures mixtes sont capables de s'adapter à des variations de conditions et de substrats, peuvent être utilisées en conditions non stériles, et présentent une plus grande stabilité. Les écosystèmes digestifs des ruminants (rumen de vache) et d'insectes phytophages (intestin de termite) sont une source d'inoculum prometteuse pour obtenir des cultures mixtes très hydrolytiques. Plusieurs études s'y sont intéressées, mais se sont principalement concentrées sur les paramètres macro-cinétiques. Peu d'information sont disponibles sur la diversité microbienne de ces écosystèmes, encore moins sur les gènes présents et leur expression. Notre objectif est donc d'étudier la diversité fonctionnelle, ainsi que le métagénome et métatranscriptome de communautés microbiennes, sélectionnées en réacteur et présentant des capacités élevées de transformation de la lignocellulose.

Les paramètres macro-cinétiques de plusieurs réacteurs, contenant de la paille de blé et inoculés avec les cultures mixtes produites précédemment, seront comparés. La diversité fonctionnelle et son évolution sera analysée par pyroséquençage de l'ARNr 16S. Notre objectif est de corréler les données de diversité avec la dégradation du substrat, les taux de transformation et l'évolution des activités enzymatiques. La culture mixte qui présentera le meilleur potentiel hydrolytique sera l'objet de l'étude métagénomique et métatranscriptomique.

Mots-clés

Lignocellulose, culture mixte, écologie microbienne, diversité, ARNr 16S, métagénomique

UTILISATION DU SEQUENÇAGE NOUVELLE GENERATION POUR RETRACER L'HISTOIRE EVOLUTIVE DU MAÏS CULTIVE

Poster n°5

Auteur

Jean-Tristan Brandenburg

Liste complète des auteurs - Affiliations

Jean-Tristan Brandenburg¹, Johann Joets¹, Alain Charcosset¹, Stephane Nicolas¹, Maud Tenailon²

¹ INRA, UMR 0320/UMR 8120 Génétique Végétale, Ferme du Moulon, F-91109 Gif-sur-Yvette, France

² CNRS, UMR 0320/UMR 8120 Génétique Végétale, Ferme du Moulon, F-91109 Gif-sur-Yvette, France

Résumé

Les nouvelles générations de séquençage ont marqué un tournant pour la production de données, permettant un accès rapide et à faible coût d'informations sur des génomes entiers. Ces nouvelles techniques sont maintenant largement utilisées, par exemple en recherche médicale pour la détection de polymorphismes associées à certaines pathologies ([1]), pour comparer des niveaux d'expression de gènes et étudier leurs interactions (lu dans [2]), mais aussi pour comprendre les mécanismes génétiques qui sous-tendent les processus adaptatifs au sein des espèces [3]. Elles représentent aussi un défi méthodologique qui réside en notre capacité à aligner rapidement et correctement de grandes quantités de séquences aux génomes de référence disponibles pour un nombre croissant d'organismes [4]. Ce défi est d'autant plus grand lorsque les espèces étudiées possèdent des génomes à forte volatilité qui comprennent de nombreuses zones répétées et/ou dupliquées et dont le contenu et la localisation varient entre individus. Outre les difficultés d'alignement, ces régions posent également des problèmes de distinction entre les sites hétérozygotes (polymorphisme allélique à un locus) et le polymorphisme de régions dupliquées (polymorphisme allélique entre deux locus paralogues issus de duplication) ;[5]. Nous nous intéressons à l'histoire évolutive du maïs qui a débuté par sa domestication il y a environ 9000 ans au Mexique. Cette première étape a été suivie par une expansion rapide de la forme cultivée sur le continent américain puis par son introduction en Europe au cours du XV^{ème} siècle. Afin d'étudier cette histoire, notamment de préciser les contributions des maïs américains aux maïs européens, et de comprendre les bases génétiques du succès évolutif de cette espèce à fort potentiel adaptatif, nous avons séquencé 44 lignées de premier cycle sur les continents américains et européens. Le génome du maïs est complexe, de nombreuses duplications sont présentes chez cet ancien allotétraploïde et les éléments transposables occupent 85% de la fraction génomique[6]. D'importantes variations de taille de génome entre individus sont observées. Le traitement de ces données a donc soulevé un certain nombre de questionnements relatifs à la détection de polymorphismes. Nous présentons une chaîne de traitement informatique qui a été optimisée pour y répondre.

Références bibliographiques

[1] Integrating next-generation sequencing into the diagnostic testing of inherited cancer predisposition, Ku CS, et al Clin Genet 2013; 83: 2–6 [2] Transcriptome analysis using next-generation sequencing, Mutz KO, et al Curr Opin Biotechnol. 2013 Feb;24(1):22-30. [3] Sequencing of 50 Human Exomes Reveals Adaptation to High Altitude, Yi X., et al Science. 2010 Jul 2;329(5987):75-8. [4] Mapping Reads on a Genomic Sequence: An Algorithmic Overview and a Practical Comparative Analysis Sophie Schbath Véronique Martin et al J Comput Biol. 2012 June; 19(6): 796–813. [5] Reference-Free Population Genomics from Next- Generation Transcriptome Data and the Vertebrate–Invertebrate Gap. ; Gayral P, PLoS Genet. 2013 Apr;9(4):e1003457. [6] The B73 maize genome: complexity, diversity, and dynamics. Schnable PS Science. 2009 Nov 20;326(5956):1112-5.

Mots-clés

Mais, NGS, Evolution, Génétique des Populations, Adaptation

PATTERNS OF VIRAL AND MICROBIAL DIVERSITY IN A SPHAGNUM-DOMINATED PEATLAND USING METAGENOMICS

Poster n°6

Auteur

Flore Ballaud

Liste complète des auteurs - Affiliations

BALLAUD Flore¹, DUFRESNE Alexis¹, FRANCEZ André-Jean¹, COLOMBET Jonathan², SIME-NGANDO Téléphore², COUDOUÉL Sophie³, DHEILLY Alexandra³ and QUAISER Achim¹

¹ UMR-CNRS 6553 ECOBIO 'Ecosystèmes Biodiversité Evolution' et OSUR 'Terres Ecosystèmes Sociétés', Université de Rennes 1 Campus de Beaulieu - F-35042 Rennes cedex;

² Université Blaise Pascal, UMR-CNRS 6023 LMGE 'Laboratoire Microorganismes: Génôme & Environnement', Campus des Cézeaux, F-63177 Aubière cedex

³ Université de Rennes 1, OSUR, Plateforme génomique environnementale et fonctionnelle

Résumé

Sphagnum-dominated peatlands are characterized by a production of organic matter superior to its decomposition rate. Owing to this partial decay, peatlands represent a major stock of carbon at the global scale. Harsh conditions met in these ecosystems are responsible for the limitation of bacterial activity: low mean annual temperature, acidic pH, high water contents and low nutrients availability. Among different dynamic stages in this ecosystem, bog and fen are characterized by different physico-chemical features: fens facing higher watertables, lower water fluctuations, more nutrients availability and subsequently higher pH than bogs. As physico-chemical parameters are known to influence the composition of microbial communities, we hypothesized that fen and bog would harbour different microbial communities. In a Sphagnum-dominated peatland (Puy de Dôme, France) two depths (5 to 10 and 10 to 15 cm under the active green Sphagnum) were sampled in triplicate for both stages. DNA from these 12 samples was extracted and sequenced by pyrosequencing. First results show that microbial community structure is significantly influenced by the dynamic stage, but not by depth. Taxonomic richness at the phylum level is higher in the fen than in the bog. Relative abundance of the two main phyla (Alphaproteobacteria and Acidobacteria) did not vary between bog and fen. Relative abundances of Verrucomicrobia, Beta- and Delta/Epsilonproteobacteria are higher in fen, while Actinobacteria are more abundant in bog. Secondly we established a protocol allowing the extraction of viral DNA. Pyrosequencing of this DNA has produced 12 peatlands metaviromes, extracted for both fen and bog at 4 different dates. Viral consortia are mainly composed of unknown viral particles. Viral genetic diversity pattern seems to be mainly influenced by seasonal variations. In addition, sequence clustering followed by Sorensen Index calculation allowed the distinction of fen and bog consortia in summer and fall. As a whole, viral genetic diversity shows a cyclic seasonal pattern, calling for the hypothesis of isogenic interactions with the corresponding microbial compartment. To the best of our knowledge, this is the first study to examine the seasonal variations of viral genetic diversity in a Sphagnum-dominated peatland and to use metagenomics to show differences of microbial and viral communities originating from fen and bog.

Mots-clés

Fen, bog, microbial loop, viral loop, metaviromes

MISE EN PLACE D'UN PIPELINE POUR L'ANALYSE BIOINFORMATIQUE DU METATRANSCRIPTOME DE SOLS

Poster n°7

Auteur

Francois Bartolo

Liste complète des auteurs - Affiliations

François Bartolo (1,2), Roland Marmeisse (3), Vincent Navratil (2), Jean-Marc Bonneville (4), Marc Buée (5), Dominique Guyot (2), Christine Oger (2), Guy Perrière (1,2)

(1) Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, UMR CNRS 5558, Université Claude Bernard - Lyon 1, 43 bd. du 11 Novembre 1918, 69622 Villeurbanne Cedex

(2) Pôle Rhône-Alpes de Bioinformatique, Université Claude Bernard - Lyon 1, 43 bd. du 11 Novembre 1918, 69622 Villeurbanne Cedex

(3) Laboratoire diologie Microbienne, UMR CNRS 5557, Université Claude Bernard - Lyon 1, 43 boulevard du 11 Novembre 1918, 69622 Villeurbanne Cedex, France.

(4) Laboratoire diologie Alpine, Campus Scientifique, 73376 Le Bourget du Lac Cedex (5) Laboratoire Interactions Arbres/Micro-Organismes, UMR INRA 1136, INRA, 54280 Champenoux

Résumé

Les sols recèlent une grande diversité de microorganismes et ceux-ci interviennent dans de très nombreux phénomènes biologiques d'importance. Ainsi, en tant que décomposeurs des litières végétales, ces microorganismes produisent de nombreuses enzymes actives présentes dans les sols. En collaboration avec différents laboratoires de biologie impliqués dans le projet Eumetasoil, nous avons cherché à évaluer la diversité taxonomique et fonctionnelle des communautés de microorganismes des trois domaines du vivant colonisant des sols soumis à des contraintes physico-chimiques variées (climat tempéré vs. alpin vs. méditerranéen). Afin d'effectuer cette analyse, un séquençage paired-end par HiSeq 2000 des ARNm polyadénylés ainsi que de la totalité des ARN extraits directement des sols a été effectué. A la suite de ce séquençage, nous avons mis en place un pipeline intégré d'analyse des données. Le point d'entrée de ce pipeline consiste en l'utilisant de SortMeRNA, un programme permettant de trier un très grand nombre de séquences d N (jusqu'à plusieurs milliards de lectures HiSeq) afin de séparer celles correspondant aux ARNr de celles correspondant aux ARNm (Kopylova et al., 2012). Une fois cette séparation effectuée, les ARNr sont utilisés pour étudier la diversité taxonomique et les ARNm pour effectuer des analyses fonctionnelles. L'analyse taxonomique est effectuée en utilisant trois arbres phylogénétiques de référence (un pour chacun des trois grands domaines du vivant : archées, bactéries et eucaryotes) ainsi que placer, un programme de repositionnement phylogénétique (Matsen et al., 2010). Les avantages apportés par cette méthode étant, d'une part, l'utilisation du maximum de vraisemblance et, d'autre part, le fait qu'elle n'applique pas un recalcul complet de l bre. En effet, le repositionnement phylogénétique consiste en le placement successif d' taxon candidat sur chacune des 2n-3 branches d' arbre de référence (n, étant le nombre de taxons présents dans cet arbre) puis dans le calcul de la vraisemblance des 2n-3 topologies ainsi obtenues, la topologie retenue étant celle présentant la vraisemblance maximale. L'analyse fonctionnelle, quant à elle est simplement effectuée au moyen d'une recherche de similarité effectuée par BLAST. Les banques de données utilisées pour effectuer la recherche étant Swiss-Prot et Enzyme-Trembl. Ce pipeline a permis d'effectuer une annotation taxonomique sur 2 milliards de lectures et une annotation fonctionnelle sur 2 autre milliards, ce qui représente une performance technique remarquable. Les sorties de ce pipeline ont permis de montrer une activitée d'enzymes, produites par des champignons et des bactéries, permettant la décomposition d'éléments organiques et la dégradation de nitrites.

Références bibliographiques

Matsen, F.A., Kodner, R.B. and Armbrust, E.V. (2010) pplacer: linear time maximum-likelihood and Bayesian phylogenetic placement of sequences onto a fixed reference tree, BMC Bioinformatics, 11, 538. Kopylova, E., Noe, L. and Touzet, H. (2012) SortMeRNA: fast and accurate filtering of ribosomal RNAs in metatranscriptomic data, Bioinformatics, 28, 3211-3217.

Mots-clés

Pipeline d analyse, metatranscriptomique, taxonomie, analyse fonctionnelle

APPROCHE METAGENOMIQUE DE LA DIVERSITE DES PROTOZOAIRES (APICOMPLEXA, PIROPLASMIDES) TRANSMIS PAR LES TIQUES IXODES RICINUS DANS UNE FORET URBAINE

Poster n°8

Auteur

Suzanne Bastian

Liste complète des auteurs - Affiliations

Suzanne BASTIAN^{1,2}, Maggy JOUGLIN^{2,1}, Agnès BOUJU^{1,2}, Xavier BAILLY³, Laurence MALANDRIN^{2,1}

¹ LUNAM Université, Oniris, Ecole nationale vétérinaire, agroalimentaire et de l'alimentation Nantes-Atlantique, UMR Biologie, Epidémiologie et Analyse de Risque en santé animale, BP 40706, F-44307 Nantes, France

² INRA, UMR1300 Biologie, Epidémiologie et Analyse de Risque en santé animale, BP 40706, F-44307 Nantes, France

³ INRA, UR 346 Epidémiologie Animale, 63122 Saint Genès Champanelle, France

Résumé

En Europe de l'Ouest, les tiques *Ixodes ricinus* sont vectrices d'un grand nombre de taxons viraux, bactériens et parasitaires, acquis et transmis lors des repas sanguins sur leurs hôtes.

L'espèce *Ixodes ricinus* a la particularité de se développer en trois stases, larve, nymphe et adulte, et de prendre un repas sanguin à chaque stase sur un hôte vertébré différent, avec une préférence pour des cortèges d'hôtes selon la stase. Les espèces hôtes possèdent une capacité variable de multiplier les taxons transmis. La détection moléculaire chez les espèces hôtes montre ainsi la prédominance d'infection par telle ou telle espèce d'agent infectieux, dont certains peuvent se développer chez l'Homme et provoquer des maladies graves. Par exemple, les Piroplasmidés (*Apicomplexa*) sont des parasites des globules rouges, dont certaines espèces circulent préférentiellement sur les chevreuils (*Capreolus capreolus*), mais n'ont pas toutes un potentiel zoonotique.

Dans une forêt urbaine, fortement fréquentée par les promeneurs, les communautés d'espèces hébergées par les tiques à l'affût (de leur prochain hôte) reflètent l'acquisition d'agents infectieux auprès d'une succession d'espèces hôtes, en tant qu'adulte (charge des larves), larve (charge des nymphes), et nymphe (charge des adultes). S'il existe une structuration génétique entre stases dans les espèces transmises, le risque pour la santé humaine lié à une morsure de tique de telle ou telle stase peut également être différent.

Dans cette étude, nous avons comparé avec une approche méta-génomique les communautés de e Piroplasmidés présentes entre les larves et les nymphes d'une même forêt urbaine (les tiques adultes analysées s'étant révélées négatives). Pour cela, nous avons utilisé un séquençage 454 de la région hypervariable du gène d'ARN ribosomal 18S, amplifiée à l'aide d'amorces consensus. Un total de 570 tiques marquées avec des oligonucléotides de 12 nucléotides a été analysé par pools de 7-9 individus. Notre objectif était d'évaluer la pertinence d'une telle approche dans un contexte de prévalence faible (peu de tiques infectées), de diversité spécifique probablement faible, et d'une forte proximité génétique entre des espèces pathogènes et non-pathogènes pour l'Homme (substitutions ponctuelles de nucléotides sur le marqueur ARNr18S)

Mots-clés

Piroplasmidés, méta-génomique, tiques *Ixodes ricinus*

THE COMPLETE CHLOROPLAST GENOME OF SPARTINA MARITIMA: INSIGHTS FROM COMPARATIVE ANALYSES IN THE POACEAE FAMILY AND MOLECULAR DATING BETWEEN POLYPLOID LINEAGES

Poster n°9

Auteur

Sidonie Bellot

Liste complète des auteurs - Affiliations

S. Bellot*^{1,2}, M. Rousseau-Gueutin¹, G. Martin^{1,3}, J. Boutte¹, H. Chelaifa^{1,4}, O. Lima¹, S. Michon-Coudouel⁵, D. Naquin^{1,6}, A. Salmon¹, A. Ainouche¹, M. Ainouche¹.

1. UMR CNRS 6553 Ecobio, OSUR (Observatoire des Sciences de l'Univers de Rennes), Université de Rennes 1 / Université Européenne de Bretagne, 35 042 Rennes, France

2. Current address: Systematic Botany and mycology, University of Munich, Meininger strasse 67, D-80638 Munich, Germany

3. Current address: CIRAD (Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement), UMR AGAP, F-34398 Montpellier, France

4. Unité de Recherche en Génomique Végétale URGV (INRA- CNRS – UEVE), Organization and Evolution of Plant Genomes, Evry Cedex, France

5. Plate-forme Génomique Environnementale et Fonctionnelle, OSUR-CNRS, Université de Rennes 1, 35042 Rennes, France

6. Current address: Plate-forme IMAGIF, FRC3115 CNRS, 91198 Gif sur Yvette Cedex, France

Résumé

The polyploid *Spartina* genus (Poaceae, Chloridoideae) represents an excellent system for analyzing reticulate evolution and recurrent polyploid speciation. Most *Spartina* species colonize salt marshes and estuaries of the New World and the Old World, where they play a pivotal ecological role at the interface of land and sea. In an effort to better understand the evolutionary history of this genus, we reconstructed the complete chloroplast genome of the Euro-African hexaploid *S. maritima* (135,592 bp) using Roche-454 GS FLX pyrosequencing data. Due to its haploid nature and maternal inheritance, this genome is particularly useful for phylogenetic, phylogeographic and molecular dating studies in the contexts of hybridization and polyploidy that are particularly recurrent in genus *Spartina* (from tetraploid: $2n=4x=40$ to dodecaploid: $2n=12x=120-124$ in the currently living species). Moreover, this genome is the first representative of the Chloridoideae subfamily, a particularly poorly investigated lineage in grasses. Comparative analyses of the *S. maritima* plastome with other Poaceae confirm the conserved structure and gene content of grass plastid genomes previously reported in other subfamilies. The multiple alignments of various Poaceae plastomes allowed the detection of 12 large indels (55 to 548 bp) most often flanked by direct repeats and that occurred in the Chloridoideae lineage since its divergence with other Poaceae subfamilies (»50 million years ago). The *S. maritima* plastome appears poor in repetitive sequences and more than one third of these repeats is conserved among several Poaceae species, again highlighting the low plastome evolution in this family. Investigations on the evolutionary rate of all coding and non-coding sequences among the Poaceae plastomes allowed the identification of some fast-evolving regions that will be extremely useful for phylogenetic reconstruction at various taxonomic levels. Finally, phylogenetics and molecular dating based on 4 non-coding and 3 protein-coding plastid regions allowed to estimate the divergence time between different *Spartina* species of various ploidy levels and between the different Poaceae clades. Issues related to molecular dating using chloroplast sequences in polyploid species are discussed.

Mots-clés

Chloroplast genome, molecular dating, 454 pyrosequencing, spartina

FIRST CHARACTERIZATION OF MARINER-LIKE ELEMENTS IN THE OLIVE FRUIT FLY *BACTROCERA OLEAE* (DIPTERA: TEPHRITIDAE) AND ITS HOST PLANT *OLEA EUROPAEA*

Poster n°10

Auteurs

Wafa Ben Lazhar Ajroud

Liste complète des auteurs - Affiliations

Wafa BEN LAZHAR-AJROUD¹, Mariem BOUALLEGUE¹, Maha MEZGHANI-KHEMAKHEM¹, Hanem MAKNI^{1,2}, Jacques-Deric ROUAULT⁴, Benoît CHÉNAIS³, Nathalie CASSE³, and Mohamed MAKNI¹.

(1) UR « Génomique des Insectes Ravageurs des Cultures d'Intérêt Agronomique ». Faculté des Sciences de Tunis. Université Tunis El-Manar. Tunisie

(2) ISAJC Bir El Bey. Université de Tunis. Tunisie.

(3) Laboratoire Mer-Molécules-Santé (EA 2160 MMS), Université du Maine, Avenue Olivier Messiaen, 72085 Le Mans France.

(4) Laboratoire Évolution, Génomes et Spéciation LEGS CNRS 9034 Gif-sur-Yvette.

Résumé

Mariner Like Elements (MLE) are repetitive sequences belonging to class II of transposable elements. These mobile elements are interspersed throughout most of eukaryotic genomes. MLE are important biological entities that modify genome structure. Moreover, Mariner can undergo horizontal transfer between different species.

The olive fruit fly *Bactrocera oleae* (Rossi) (Diptera: Tephritidae) is considered as the major noxious olive tree pest (*Olea europaea*). This pest generates direct and indirect damages that significantly reduce both yield and quality of olive oil.

In this study, twenty four sequences of complete mariner-like elements were obtained from the insect and its host plant by using ITR degenerate primer specific to *mauritiana* subfamily.

For elements identified from *B.oleae*, Blast searches revealed 68% of homology with transposase gene isolated from *Drosophila simulans* and sequence analysis revealed nonfunctional transposase containing multiple stop codons and frameshifts. However mariner elements detected in *O.europaea* shared 99% of homology with *Mos 1* transposable element of *Drosophila simulans* and are likely active.

This is the first description of insect MLE detected in plant suggesting a very recent horizontal transfer probably between insect and olive tree.

Mots-clés

Bactrocera oleae, *Olea europaea*, transposable elements, horizontal transfer

ETUDE DE LA DIVERSITE MICROBIENNE AU SEIN DES EAUX SOUTERRAINES D'AQUIFERES DE SOCLE FISSURE FRACTURE

Poster n°11

Auteurs

Sarah Ben Maamar

Liste complète des auteurs - Affiliations

Sarah Ben Maamar*^{1,2}, Luc Aquilina¹, Alexis Dufresne², Virginie Vergnaud-Ayraud¹, Thierry Labasque¹, Hélène Pauwels³, Philippe Vandenkoornhuyse²

1: UMR 6118 Géosciences, Université de Rennes1 – CNRS

2: UMR 6553 ECOBIO, Université de Rennes1 – CNRS

3: Direction des laboratoires, BRGM Orléans.*Auteur correspondant: Sarah Ben Maamar; sarah.ben-maamar@univ-rennes1.fr; 02 23 23 50 78.

Résumé

Les aquifères de socles fissurés fracturés représentent des environnements extrêmes majoritairement habités par des communautés microbiennes. Jusqu'alors la biodiversité au sein des eaux souterraines a principalement été étudiée au sein d'aquifères de surface, en particulier dans le cas de pollution diffuse tels que les déversements d'hydrocarbures. Il a été établi que certains aquifères peuvent constituer un point chaud de biodiversité, parce qu'ils sont parfois de réelles oasis pour diverses espèces. Cependant, l'évolution de la biodiversité dans le temps dans des écosystèmes relativement isolés, et les mécanismes de leur préservation sont peu connus. Nous avons étudié la biodiversité au sein d'aquifères de socle fissuré fracturé en Bretagne (France). Ces aquifères sont composés de deux compartiments contrastés: (1) Un compartiment de surface constitué de roches altérées, à forte teneur en argile. Ce compartiment inclut la majeure partie du flux des eaux de surface. A l'intérieur de ce compartiment, la pression anthropique liée à la pollution agricole diffuse est forte et le temps de résidence est faible: le temps de résidence moyen se situe entre 15 et 20 ans. (2) Un compartiment profond constitué de roches saines avec de très faibles perméabilités. Dans ce compartiment, l'eau circule uniquement au travers de fractures héritées de l'histoire géologique. Les temps de résidence vont de quelques décennies à plusieurs centaines d'années. Cependant, dans la partie plus profonde, des fluides salins (> 1g/L) sont présents. Plusieurs paramètres géochimiques indiquent que ces solutés ont une origine marine. Ils pourraient ainsi être originaires de la dernière transgression marine il y a 2,5 Ma. La diversité microbienne a été étudiée à deux profondeurs sur trois aquifères. Les analyses des séquences d'ARNr 16S révèlent l'existence de biocénoses bactériennes très diverses avec plus de 60 phyla bactériens et un grand nombre de taxons encore inconnus. La structure des communautés microbiennes est fortement corrélée aux propriétés hydrogéochimiques et hydrologiques des aquifères. Nos résultats suggèrent l'existence de zones de refuge avec une biodiversité spécifique dans la partie la plus profondes des aquifères.

Mots-clés

Biodiversité, aquifères, communautés microbiennes, hydrogéochimie, amplicons ARNr16S

GENOME SCAN FOR POPULATION GENOMICS: WHICH SNP FOR WHICH SPECIES AND WHICH SNP DENSITY FOR WHICH STUDY?

Poster n°12

Auteur

Badr Benjelloun

Liste complète des auteurs - Affiliations

Benjelloun B.1,2,* , Zamani W.1, Streeter I.3, Engelen S.4, Alberti A.4, Boyer F.1, Ben Bati M.2, Ibnelbachyr M.2, Chentouf M.2, Bechchari A.2, Chikhi A.2, Clarke L.3, Taberlet P.1, Pompanon F.1

1 Laboratoire d'Ecologie Alpine UMR 5553 CNRS Univ. Grenoble-Alpes Grenoble France,

2 National Institute of Agronomic Research Morocco,

3 European Bioinformatics Institute, Cambridge, UK, 4 CEA, DSV, IG, Genoscope, Evry, France

Résumé

The development of Next Generation Sequencing technologies and genotyping technics such as SNP beadChips allows a powerful characterization of genome diversity and the detection of genes under selection. Optimizing the time and money dedicated to a population genomic study involves that the genotyping technic used fits the goal of the study. Thus, arises the key question of the optimal sample size and genotyping strategy to choose. We will use Whole Genomes Sequences (WGS) produced at a 10X coverage in the NEXTGEN project (EU-FP7). These are 30 goats (*C. hircus*) and 30 sheep (*O. aries*) from Morocco and their wild ancestors, 15 bezoars (*C. aegagrus*); and 15 mouflon (*O. orientalis*) from Iran. We test how the sample size (5-30 individuals) and the number of SNP studied (1000 - 5 Millions and WGS) affect the estimation of population genomic parameters (Heterozygosity, nucleotide diversity, *Fst*, Linkage disequilibrium,.) and the detection of signature of selection. We also compare the results of commercial 50K-SNP Chips (Ovine and Caprine Illumina® SNP50 beadChips) designed to describe the diversity of industrial breeds, to that obtained with SNP randomly selected on WGS data, in order to detect an eventual ascertainment bias when studying wild animals and traditional breeds.

Mots-clés

Whole genome sequence, SNP beadchip, genome diversity, selection detection, Capra, Ovis

MOLECULAR DIVERSITY OF COLLODARIA (RADIOLARIA) GIVES INSIGHT ON THEIR LIFE CYCLE.

Poster n°13

Auteur

Tristan Biard

Liste complète des auteurs - Affiliations

Tristan Biard - UPMC/CNRS Station Biologique de Roscoff, UMR7144

Camille Poirier - UPMC/CNRS Station Biologique de Roscoff, FR2424, Roscoff Culture Collection

Johan Decelle - UPMC/CNRS Station Biologique de Roscoff, UMR7144

Noritoshi Suzuki -Tohoku University, Institute of Geology and Paleontology

Fabrice Not - UPMC/CNRS Station Biologique de Roscoff, UMR7144

Résumé

Collodaria are worldwide-distributed marine protist belonging to radiolarians (Rhizaria). The vast majority of collodarians species form large colonies composed of hundreds of cells while some species are found as single cells. They are known to play an important role in the oceanic food webs through their high predation activity. They also live in symbiosis with a large number of dinoflagellate symbionts inside their cytoplasm. This feature allows them to contribute to primary production and to be considered as major organic carbon exporters in the ocean. Yet, only a few species are currently genetically characterized and very little is known about their diversity and life cycle. To investigate their molecular diversity, the small and large subunits of the ribosomal DNA gene were sequenced from collodarian isolated all over the world. Molecular phylogeny including more than 80 new collodarians sequences, was compared to morphological classifications and revealed highly diverse taxa. Our analysis group together solitary and colonial species suggesting they would actually be two life stages of the same species. Besides pure taxonomic perspectives, our work will participate to improve the understanding of marine environmental genetic surveys and more specifically the implications of collodarians in global ecology of the oceans. Présentation dans le cadre du projet Bibliothèque du Vivant

Mots-clés

Collodaria, polycystine radiolarian, molecular diversity, phylogeny, life cycle

MOCK COMMUNITY EXPERIMENTS, A NECESSARY STEP BEFORE EXPLORING THE ENVIRONMENTAL MICROBIAL EUKARYOTIC COMMUNITY?

Poster n°14

Auteur

Lucie Bittner

Liste complète des auteurs - Affiliations

Elianne Egge, Lucie Bittner, Tom Andersen, Stéphane Audic, Colombar de Vargas, Bente Edvardsen

Lucie Bittner - bittner@biologie.ens.fr (orateur) -UPMC, UMR7622, Analyse des données à Haut-Débit en Génomique fonctionnelle, Paris, France

Elianne Egge, Bente Edvardsen, University of Oslo, Department of Biosciences, Marine Biology, Oslo, Norway

Stéphane Audic, Colombar de Vargas, CNRS UMR7144 & UPMC, Station Biologique de Roscoff, Roscoff, France

Tom Andersen, University of Oslo, Department of Biosciences, Integrative Biology, Oslo, Norway

Résumé

One of the current challenge in environmental genomics is to provide a valuable and accurate estimate of the composition, the diversity and the relative abundance of microbial organisms in a sample. These estimations are based on the frequency with which the organism's DNA or RNA is observed in reads generated via sequencing. This frequency is nevertheless affected by the extraction method, the primers sets used in targeted metagenomics studies, the sequencing protocol utilized, and also by the bioinformatics filtering methods applied to clean the data [1-2].

As next generation sequencing of ribosomal DNA and RNA is increasingly used to assess the diversity and structure of microbial eukaryotic communities, the designed and realization of analyzes on controlled samples seems a necessary step to validate interpretation of environmental diversity studies. We therefore designed an experiment in order to test the ability of 454 pyrosequencing to detect in a controlled sample the number of eukaryotic species present, and to assess their relative abundance in terms of cell numbers and biomass.

Recent studies using NGS suggest that environmental communities of haptophytes are highly diversified [3-4]. We thus focused on this key protist lineage and we created a 'mock community' consisting of equal number of cells of 11 distinct haptophyte species. We compared the diversity obtained with 454 pyrosequencing targeting DNA and RNA, and using two different SSU rDNA primer pairs. We also tested four different bioinformatic filtering methods to reduce errors in the resulting sequence datasets. Based on our analyses, we finally propose a strategy to more accurately depict haptophyte diversity using NGS [5]. Our conclusions are valuable for the interpretation of forthcoming environmental studies of the large and largely unknown diversity of unicellular eukaryotes.

Références bibliographiques:

[1] Morgan JL, et al (2010) Metagenomic Sequencing of an *In Vitro* -Simulated Microbial Community. PLoS ONE 5(4): e10209.

[2] Behnke A, et al. (2011) Depicting more accurate pictures of protistan community complexity using pyrosequencing of hypervariable SSU rRNA gene regions. Environ Microbiol 13: 340–349.

[3] Cuvelier ML, et al. (2010) Targeted metagenomics and ecology of globally important uncultured eukaryotic phytoplankton. Proc Natl Acad Sci U S A 107: 14679–14684.

[4] Bittner L, et al. (2013) Diversity patterns of uncultured Haptophytes unravelled by pyrosequencing in Naples Bay. Mol Ecol 22: 87–101.

[5] Egge E, et al. (2013) 454 Pyrosequencing to Describe Microbial Eukaryotic Community Composition, Diversity and Relative Abundance: A Test for Marine Haptophytes. PLoS ONE 8(9): e74371.

Mots-clés

Mock community, NGS, targeted metagenomics and metatranscriptomics, environmental diversity, bioinformatic filtering, protists, Haptophytes

EFFET DE COMPLEMENTS DE FERTILISATION SUR LES COMMUNAUTES MICROBIENNES DES SOLS

Poster n°15

Auteur

Anne-Laure Blieux

Liste complète des auteurs - Affiliations

Anne-Laure Blieux¹, Samuel Dequiedt², Pierre-Alain Maron², Lionel Ranjard², Jean-Claude Yvin³, Diane Leménager³

¹ Welience Agro-Environnement Maison Régionale de l'Innovation, 64A rue de Sully – CS77124 – 21071 DIJON Cedex

² Plateforme GenoSol, UMR Agroécologie, INRA/AgroSup/Université de Bourgogne, 17 rue Sully – BP 86510 – 21065 DIJON Cedex

³ Timac Agro International, 55 rue Jules verger 35800 Dinard

Résumé

Dans les agro-écosystèmes, l'apport d'intrants organiques ou minéraux a pour but d'augmenter la productivité végétale. Toutefois, la plupart de ces amendements sont mal gérés et peuvent également avoir des conséquences sur le stockage du carbone dans le sol. Il devient donc nécessaire de développer de nouvelles pratiques de fertilisation impliquant de nouveaux amendements afin de répondre aux enjeux environnementaux et de durabilité de l'agriculture moderne. Dans ce contexte, le développement de produits permettant d'optimiser le fonctionnement microbien du sol représente un potentiel considérable. Les microorganismes indigènes des sols sont impliqués dans nombre de processus biogéochimiques à la base du recyclage des éléments minéraux, et donc de la fertilité biologique du sol. L'objectif de ce projet est de tester l'efficacité de plusieurs produits utilisés comme complément de fertilisation et stimulateur de la vie microbologique des sols, composés de coquillers marins et/ou d'algues sur les communautés microbiennes des sols. 1: étude en conditions contrôlées (microcosmes) permettant d'évaluer l'effet des produits (coquillers marins, Phéoflore et Solenature) sur la diversité microbienne (Séquençage haut débit des gènes 16S et 18S). 2: essai au champ avec plusieurs produits (Coquillers marins, Solenature et Minactiv) et évaluation de leur effet sur l'abondance (Biomasse Moléculaire Microbienne, PCR quantitative des gènes ribosomiques 16S et 18S) et la diversité microbienne des sols. Les résultats montrent un effet marqué du Maerl et du Phéoflore dans l'étude en microcosmes, avec une stimulation de la richesse et de la diversité bactérienne, essentiellement des populations copiotrophes. En revanche, cette stimulation bactérienne peut se faire au détriment des champignons, dont la communauté devient alors dominée par les Basidiomycota, aptes à dégrader la matière organique récalcitrante. L'application du produit Solenature stimule des populations copiotrophes également, mais a peu d'impact sur les indices de diversité des bactéries et des champignons. Sur l'essai au champ, les résultats sont moins marqués, probablement en raison de la variabilité des paramètres environnementaux. Une stimulation de l'abondance microbienne est toutefois visible avec les coquillers marins et le Minactiv, tandis que ce sont les coquillers marins et le Solenature qui ont tendance à stimuler la diversité bactérienne. L'analyse de la composition microbienne est en cours et permettra de préciser les effets des produits sur les communautés microbiennes. Ces résultats démontrent donc une stimulation microbienne par les compléments de fertilisation qui peut amener à une meilleure dégradation de la MO du sol et se traduire par une meilleure fertilité biologique du sol.

Mots-clés

Complément de fertilisation, extrait d'algues, amendement, microorganismes du sol, diversité microbienne

BILAN DES ACTIONS DU SSM DANS LE CADRE DU PROGRAMME BIBLIOTHEQUE DU VIVANT

Poster n°16

Auteur

Céline Bonillo

Liste complète des auteurs - Affiliations

Céline Bonillo¹, Jawad Abdelkrim¹, Julien Brisset¹, Régis Debruyne¹, Carole Ferreira¹, Delphine Gey¹, Josie Lambourdière¹, Stéphanie Le Prieur¹, Jose Utge¹, Dario Zuccon¹, Sarah Samadi^{1,2}, Marie-Catherine Boisselier^{1,2}, Eric Pasquet^{1,3}, Guillaume Lecointre²;

1. Département Systématique et Evolution, UMS 2700 "Outils et Méthodes de la Systématique Intégrative" MNHN-CNRS, Service de Systématique Moléculaire, Muséum national d'Histoire naturelle

2. UMR 7138 CNRS-MNHN-UPMC Systématique, Adaptation, Evolution

3. UMR 7205 CNRS-MNHN Origine, Structure et Evolution de la Biodiversité

Résumé

En servant de relais au programme Bibliothèque du Vivant (BdV) au Muséum national d'Histoire naturelle, le Service de Systématique Moléculaire (SSM, plateforme de l'UMS2700 Outils et Méthodes de la Systématique Intégrative) a permis de coordonner la moitié des projets de séquençage (56) dédiés à la description et l'analyse de la diversité moléculaire du Vivant par les approches comparatives de la systématique et des sciences de l'évolution. Plus de 900 plaques de séquençage ont ainsi été générées pour le MNHN et dédiées à l'analyse de groupes taxinomiques nombreux et variés : actinoptérygiens, algues marines, amphibiens, angiospermes, champignons, chélicérates, crinoïdes, crustacés, insectes, mammifères, mollusques, monogènes, oiseaux, protistes, squamates, urochordés, etc. En pratique, le rôle du SSM s'est décliné en trois volets principaux: (i) accès aux moyens de la plateforme pour la réalisation des étapes pré-séquençage des projets (mise à disposition de ses moyens techniques et participation de son équipe aux phases expérimentales), (ii) gestion de la mise sur site BdV et ;suivi des étapes de séquençage des plaques envoyées au Génoscope, et (iii) participation à la nécessaire traçabilité entre les données moléculaires et les spécimens de collection, en liaison avec les actions menées par l'Action Thématique du Muséum "Taxonomie intégrative". Nous détaillons ici deux projets qui illustrent les principaux aspects développés sur les données produites grâce au programme BdV au MNHN : la caractérisation par barcode moléculaire et la délimitation d'espèces d'une part, et la phylogénétique moléculaire (dans des approches de taxonomie intégrative) à différents niveaux de divergence.

Mots-clés

Structure de la biodiversité, barcodes moléculaires, phylogénie moléculaire, systématique intégrative

SOIL FUNGAL COMMUNITIES ARE ORGANISED BY PH AND PLANT COMMUNITY SPECIFIC ROOT LENGTH ACROSS THREE MOUNTAIN GRASSLAND SITES

Poster n°17

Auteur

Jean-Marc Bonneville

Liste complète des auteurs - Affiliations

Jean-Marc Bonneville, Nicolas Legay, Christelle Melo de Lima, Sandra Lavorel, J-C Clément and Roberto A GeremiaLaboratoire d'écologie Alpine, UMR5553, Grenoble

Résumé

Soil fungal communities are shaped by a mixture of abiotic and biotic drivers. In order to identify these drivers, we analyzed fungal sequences amplified from 96 soil samples taken across different management types in mountain grasslands of the Lautaret pass in the French Alps, the Austrian Stubai valley, and the Yorkshire Dales area in the UK. We sampled a total of eight land management types with three site replicates each and four replicate quadrats per site. The 50-380 bp DNA ITS1 region was amplified using fungal primers fused to site-specific tags, and pooled PCR products were subjected to MiSeq paired-end sequencing. Above 2 10⁶ paired sequences could be matched to their station of origin, and unique sequences were aligned pairwise and then clustered into ;molecular operational taxonomic units (MOTUs) at 98% similarity, resulting in a contingency table of 4000 MOTUs summing 99% of all reads. Each MOTU was classified taxonomically using the last common ancestor of the assignments of its 3 most abundant sequences in the UNITE database. Based on a total of >4 10⁴ reads for each of the 3 site replicates, fungal diversity was not affected by management in either of the three sites, yet was higher at Lautaret than in Stubai or Yorkshire. Except for the UK, the most represented MOTUs in a given management type were mostly low in most others, resulting in contrasting communities. Abundant MOTUs shared by several management types were more frequent within than between countries, and ubiquitous MOTUs were rare. The ordination of fungal communities was not driven by a management intensity gradient. A large set of above- and belowground plant traits, as well as soil biotic and abiotic parameters, has been simultaneously measured in each grassland (1,2). A few of these environmental variables showing no correlation with each other were selected by principal component analysis (PCA), and are used to decipher variations in fungal communities. Specific root length and pH were most related to PCA axes 1 and 2, respectively, and further account for most of the distance separating ;fungal communities in non-metric multidimensional scaling (NMDS). Work is in progress to identify MOTU clusters associated to environmental variables.

Références bibliographiques

(1) Grigulis K, Lavorel S, et al, 2013. Relative contributions of plant traits and soil microbial properties to mountain grassland ecosystem services. *J Ecol* 101:47-57.(2) Legay N, Baxendale, C; et al. The relative importance of above-ground and below-ground plant traits as drivers of microbial properties in grasslands (submitted)

Mots-clés

Champignons,

PREDICTION IN SILICO DES MICROARN CIBLANT LES SEQUENCES DU VIRUS BYDV DANS LE GENOME DE L'ORGE

Poster n°18

Auteur

Maryem Bouallegue

Liste complète des auteurs - Affiliations

Maryem BOUALLEGUE¹, Maha MEZGHANI-KHEMAKHEM¹, Hanem MAKNI^{1, 2} et Mohamed MAKNI¹.

(1) UR «Génomique des Insectes Ravageurs des Cultures d'Intérêt Agronomique». Faculté des Sciences de Tunis. Université Tunis El-Manar. Tunisie

(2) ISAJC Bir El Bey. Université de Tunis. Tunisie.

Résumé

Prédiction in silico des microARN ciblant les séquences du virus BYDV dans le génome de l'orge. Le virus Barley Yellow Dwarf Virus (BYDV) responsable de la jaunisse nanisante de l'orge appartient à la famille des Luteoviridae et contient 6 phases de lecture ouvertes ou ORFs. Le F1 intervient dans la réplication virale, le F2 dans la transcription inverse de l'ARN viral, le F3 dans la formation de la protéine capsidique, le F4 dans l'infection systémique, le F5 dans le mouvement du virus à longue distance et le F6 à fonction non encore déterminée. Ce virus infecte de nombreux hôtes de la famille des Poacées occasionnant des dégâts économiques importants. Les microARN (miR) sont connus pour gouverner plusieurs processus fondamentaux chez les eucaryotes, y compris les mécanismes de défense. Actuellement, de nombreux miR empêchant l'établissement viral ont été identifiés chez la pomme de terre et la tomate. Ces miR agissent soit en interférant directement avec la réplication du pathogène soit en se liant aux transcrits viraux. Afin de déterminer si ces mécanismes de défense sont présents chez l'orge, nous avons effectué une analyse in silico de la complémentarité des séquences des isolats PAV, MAV, RPV du virus BYDV avec les séquences miR/miR* de l'orge. Les résultats obtenus montrent que sur un total de 98 miR/miR* sélectionnés, 26 miR et 3 miR* sont capables de se lier à l'ARN viral des différents isolats et plus particulièrement aux ORFs. Pour l'isolat PAV les miR/miR* sont complémentaires aux ORF1, ORF2, ORF4 et ORF5 alors que pour les isolats MAV et RPV, les miR/miR* sont complémentaires aux ORF1, ORF2 et ORF5. Cette étude a permis de mettre en évidence la présence de microARN dans le génome de l'orge se liant particulièrement aux ORFs ayant un rôle clé dans la multiplication du virus BYDV ce qui suggère leur implication dans la défense antivirale de l'orge.

Mots-clés

in silico, miARN/miARN*, Orge, BYDV.

CROSSTALK BETWEEN THE PILL-BUG ARMADILLIDIUM VULGARE AND THE FEMINISING WOLBACHIA

Poster n°19

Auteur

Didier Bouchon

Liste complète des auteurs - Affiliations

Chevalier Frédéric 1, Braquart-Varnier Christine 1, Grève Pierre 1, Moné Yves 2, Carpentier Marie-Christine 2, Vavre Fabrice 2, Bouchon Didier 1.

1 Ecologie et Biologie des Interactions, équipe Ecologie, Evolution, Symbiose, UMR CNRS 7267, Université de Poitiers, Poitiers 86022, France

2 UMR5558, Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, F-69622, Villeurbanne, France

Résumé

Today, there is a wide consensus on the essential role of microbial associations to eukaryote evolution. In most cases, the relationship between host and symbiont is so close that the microorganisms cannot be cultured, making them difficult to study. However, high-throughput sequencing has offered new opportunities for symbiosis research. Due to their widespread association with the Wolbachia endosymbionts, terrestrial isopods represent a model system to understand intimate symbioses. Wolbachia are vertically transmitted facultative bacteria acting as reproductive parasites in isopods, inducing the feminisation of genetic males in the pill bug *Armadillidium vulgare*. Among the three feminising Wolbachia identified in this host, two strains (wVulC and wVulM) vary in their prevalence and extended phenotypes. wVulC, the most prevalent strain exhibiting the strongest feminising effect, is also the most virulent strain inducing various fitness costs. To decipher the conflicting associations between Wolbachia and *A. vulgare*, we have constructed cDNA libraries from tissues and from whole animals challenged by pathogenic bacteria. RNA from infected and uninfected animals was subjected to RNA-seq sequencing followed by de novo data assembly and annotation. This process generated a library of 33,120 annotated transcripts. Identification of differentially genes (DE) genes as well as overrepresented gene ontology (GO) terms was then carried out using the R packages DESeq and GSeq. Interestingly the highest number of DE genes was recorded in the animals infected by Wolbachia compare to challenged animals. In most treatments, these DE genes could be assigned to GO categories that are underrepresented when Wolbachia are on board. This study is part of the program ImmunSymbArt granted by the French National Research Agency which aims to determine the symbiotic syndrome in four model systems.

Références bibliographiques

C. Braquart-Varnier, M. Lachat, J. Herbiniere, M. Johnson, Y. Caubet, D. Bouchon, M. Sicard. Wolbachia Mediate Variation of Host Immunocompetence. PLoS ONE 3, 9 (2008) e3286
Chevalier F., Herbinière-Gaboreau J., Charif D., Mitta G., Gavory F., Wincker P., Grève Pierre, Braquart-Varnier C. Bouchon D. Feminizing Wolbachia: a transcriptomics approach with insights on the immune response genes in *Armadillidium vulgare*. BMC Microbiology 12, suppl (2012) S1
Le Clec_W., Braquart-Varnier C., Raimond M., Ferdy J-B., Bouchon D., Sicard M.. High virulence of Wolbachia after host switching: when autophagy hurts. PLoS Pathogens 8, 8 (2012) e1002844

Mots-clés

Wolbachia, Isopods, Whole transcriptome sequencing

DETECTION DE GENES HOMEOLOGUES A PARTIR DE NGS CHEZ LES ALLOPOLYPOIDES

Poster n°20

Auteur

Julien Boutte

Liste complète des auteurs - Affiliations

Julien Boutte, Malika Ainouche, Armel Salmon.

UMR CNRS 6553 Ecobio, OSUR, Université de Rennes 1. Bât 14A Campus Scientifique de Beaulieu, 35;042 Rennes Cedex (France)

Résumé

Les nouvelles technologies de séquençage offrent de nouvelles opportunités pour explorer le génome et transcriptome des espèces allopolyploïdes (issues d'hybridations interspécifiques suivies de duplication de génome) particulièrement abondantes au sein du règne végétal. Toutefois, l'assemblage de transcriptomes et l'identification des copies de gènes dupliqués par allopolyploïdie (homéologues) à partir des différentes technologies (Roche-454 et Illumina) constitue de véritables défis. Ceci est particulièrement difficile lorsque les génomes parentaux (diploïdes) ne sont pas connus (une situation assez commune) et dans le contexte d'événements récurrents de duplications génomiques. Nous avons développé des stratégies et des outils bioinformatiques de construction d'haplotypes à partir de données issues de NGS (adaptés aux technologies générant des fragments courts et/ou longs). Après l'assemblage des différents transcriptomes, les polymorphismes entre lectures (ou reads) sont détectés en utilisant un programme développé au sein du laboratoire (incluant la correction de faux positifs) et les haplotypes construits en utilisant des paramètres adaptés comme le nombre de SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) pour assembler les reads entre eux, leur couverture, et la profondeur de séquençage. Afin de détecter les différentes copies au sein des espèces hybrides ou de l'espèce allopolyploïde, les différentes séquences consensus et haplotypes détectés ont été alignés pour identifier les régions homéologues (par self-blast). En identifiant les différents SNPs au sein de ces alignements, il est possible d'assigner l'origine parentale des haplotypes détectés au sein des espèces hybrides en utilisant les polymorphismes communs. Nous avons appliqué ce pipeline sur chaque transcriptome contenant des séquences Roche-454 et Illumina dans le genre *Spartina* (Poacées, Chloridoideae) connu pour la récurrence de la polyplôïdie. Nous avons analysé 5 espèces, incluant les parents hexaploïdes *S. maritima* ($2n=60$) et *S. alterniflora*; ($2n=62$); leurs hybrides homoploïdes (*S. x townsendii* et *S. x neyrautii*) et l'allododécaploïde ($2n=120-124$) formé récemment *S. anglica*, qui a envahit les marais salés sur plusieurs continents. Nous avons pu détecter les différents SNPs et haplotypes au sein des 44 158 à 65 099 contigs assemblés et annotés fonctionnellement selon les espèces étudiées. Ces résultats nous permettent à présent d'identifier les copies dupliquées à n'importe quel niveau de ploïdie au sein du genre *Spartina* et d'étudier le sort des gènes dupliqués dans ces génomes complexes. Il sera alors possible à partir d'analyses phylogénétiques d'établir l'origine évolutive des différentes séquences. Nous pourrions ainsi analyser l'évolution structurale et l'évolution (présence/ absence des copies) de l'expression des gènes dupliqués par polyplôïdie (mises sous silence, expression différentielle, néo-fonctionnalisation, sous fonctionnalisation).

Mots-clés

Construction d'haplotypes, détection d'homéologues, Assemblage, Polyplôïdie

OCCURRENCE AND DIFFERENTIAL EXPRESSION OF THE NON-LTR I ELEMENT IN *DROSOPHILA MOJAVENSIS* AND *DROSOPHILA ARIZONAE* AND THEIR HYBRIDS

Poster n°21

Auteur

Elias Alberto Gutierrez Carnelossi

Liste complète des auteurs - Affiliations

Carnelossi, E.A.G¹²; Carareto, C.M.A¹; Vieira, C².

¹ UNESP – Universidade Estadual Paulista, Laboratório de Evolução Molecular, Departamento de Biologia, 15054-000 São José do Rio Preto, São Paulo, Brasil

² Université de Lyon, F-69000, Lyon; Université Lyon 1; CNRS, UMR5558, Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, F-69622, Villeurbanne, France

Corresponding author: elias.alberto-gutierrez.carnelossi@etu.univ-lyon1.fr

Résumé

The *I* non-LTR retrotransposon, which belongs to the *I* superfamily of non-LTR retrotransposon well known in *Drosophila melanogaster* because it transposes in high frequency in the germ line cells and drives the I-R system of hybrid dysgenesis in this species. Here we report the occurrence of this element in hybrids of two sister species belonging to the *repleta* group of the genus *Drosophila*, *Drosophila mojavensis* and *Drosophila arizonae*, which display variable degree of pre- and post-zygotic isolation, depending on the geographic origin of the strains. We took the advantage of these features for exploring the transposable element dynamics in interspecific crosses. We here examined the presence of the *I* element in the sequenced genome of *D. mojavensis* and identified the occurrence of at least one complete copy, which belongs to a different *I* family than that of *D. melanogaster*. We showed that this element is transcriptionally active in ovaries and testis of both species and in their hybrids. Most interesting, we showed that this element is more expressed in hybrid males than in females and in females the expression is restricted to the ovary nurse cells.

Références bibliographiques :

PICARD, G., J. C. BREGLIANO, A. BUCHETON, J. M. LAVIGE, A. PELISSON, AND M. G. KIDWELL. Non-mendelian female sterility and hybrid dysgenesis in *Drosophila melanogaster*. *Genetical Research*, 32:275-287, 1978.

REED, L. K. AND T. A. MARKOW. Early events in speciation: polymorphism for hybrid male sterility in *Drosophila*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101:9009-9012, 2004.

REED, L. K., M. NYBOER, AND T. A. MARKOW. Evolutionary relationships of *Drosophila mojavensis* geographic host races and their sister species *Drosophila arizonae*. *Molecular ecology*, 16:1007-1022, 2007.

WASSERMAN, M. AND H. R. KOEPFER. Character Displacement for Sexual Isolation Between *Drosophila mojavensis* and *Drosophila arizonensis*. *Evolution*, 31:812-812, 1977.

Mots-clés

Hybrid dysgenesis, *Drosophila*, Non-LTR Retrotransposon, *repleta* group

CARACTERISATION DU CMH DE CLASSE I CHEZ UNE ESPECE DE COLOMBIDE TROPICAL, LA TOURTERELLE A QUEUE CARREE, ZENAIDA AURITA.

Poster n°22

Auteur

Frank Cézilly

Liste complète des auteurs - Affiliations

Maria Teixeira & Frank Cézilly, Université de Bourgogne, UMR CNRS 6282 Biogéosciences

Résumé

Le complexe majeur d'histocompatibilité (CMH) inclut plusieurs familles de gènes hautement polymorphes codant pour des protéines qui jouent un rôle crucial dans l'immunité des vertébrés. Les gènes du CMH de classe I codent classiquement pour des molécules exprimées à la surface de la plupart des cellules nucléées et sont associées à la défense contre les pathogènes intracellulaires comme, par exemple, les parasites sanguins. Ces gènes ont été jusqu'à présent uniquement étudiés chez un petit nombre d'espèces aviaires vivant toutes en zones tempérées, alors qu'une large proportion des espèces aviaires actuelles réside dans les zones tropicales. La tourterelle à queue carrée est une espèce de colombidé endémique des Antilles où elle est relativement abondante. Les premières données obtenues au cours d'un programme de recherche à long terme ont démontré l'existence d'un degré de différenciation significatif tant au plan génétique que morphologique (mais toutefois indépendants l'un de l'autre), et une forte variation dans la prévalence de l'infection par le parasite sanguin *Haemoproteus columbae*. Nous présentons ici les premiers résultats obtenus sur la caractérisation des gènes du CMH de classe I chez *Z. aurita* à partir de l'utilisation du pyroséquençage de haut débit 454 sur 450 individus provenant de cinq îles différentes des Petites Antilles : la Barbade (n = 282), la Martinique (n = 75), la Guadeloupe (n = 27), Sainte Lucie (n = 10), Saint Barthelemy (n = 56). Nous nous sommes particulièrement intéressés à une portion de 186 pb du gène codant pour une partie de l'exon 3 de la molécule de classe I, une région hautement polymorphe faisant partie du PBR (« Peptide Binding Region»), impliquée directement dans la liaison au peptide antigénique. Nos résultats suggèrent l'existence d'au minimum 3 loci de CMH de classe I puisque au maximum 5 séquences différentes ont pu être identifiées pour chaque individu. Nous avons appelé «allèles» ces séquences de 186 pb de l'exon 3 et nous avons ainsi identifié 63 allèles différents pour l'ensemble des 5 îles. Nous présentons quelques résultats préliminaires sur la diversité nucléotidique et le niveau d'hétérozygotie pour ce gène de CMH I au niveau de la région d'étude. ;

Mots-clés

CMH 1, pyroséquençage 454, sélection, *Zenaida aurita*,

Poster n°23

Auteur

Anne-Marie Chèvre

Liste complète des auteurs - Affiliations

A.M. Chèvre¹, F. Eber¹, M. Lodé¹, G. Trotoux¹, S. Nègre¹, V. Huteau¹, O. Coriton¹, C. Falentin¹, G.Lassalle¹, E. Szadkowski¹, L. Suay¹, M. Manzanares-Dauleux², R. Delourme¹, S. Paillard¹, E. Jenczewski³, K. Alix⁴.

1. INRA, UMR1349 IGEPP, BP35327. F-35653 Le Rheu cedex, France

2. Agrocampus Ouest, UMR1349 IGEPP, BP35327. F-35653 Le Rheu cedex, France

3. INRA, Institut Jean-Pierre Bourgin, UMR1318, Centre de Versailles-Grignon. Route de St-Cyr. F-78026 Versailles Cedex. France

4. AgroParisTech, UMR de Génétique Végétale INRA/Univ Paris-Sud/CNRS/AgroParisTech, Ferme du Moulon, F-91190 Gif sur Yvette, France

Résumé

It is now well established that polyploidy with hybridization between related but divergent parental species (allopolyploidy) is one of the main evolutionary processes of plant speciation, adaptation and domestication. The key of success for a new species depends partly on its ability to establish and to remain isolated from its progenitors while hybridization events are generally rare and the newly formed hybrids generally show a poor fertility. There are different pathways to produce a polyploid species; however their impacts on meiosis stability and fertility remain unknown, while numerous structural and functional modifications were shown to occur during the first generations. Oilseed rape (*Brassica napus*, AAC, $2n=38$), a partially allogamous species resulting from natural hybridization between *B. rapa* (AA, $2n=20$) and *B. oleracea* (CC, $2n=18$), is a relevant model to address this question. Using different synthetic forms produced from crosses between different genotypes of *B. rapa* and *B. oleracea*, we observed (i) that most of the functional regulations took place from genome merger in the F1 hybrids, (ii) whereas structural modifications occurred during the first meiosis with a large number of homoeologous rearrangements being transmitted to the progeny. Frequency and size of rearranged regions depended on the way of production of the allopolyploids, either from unreduced gametes of F1 hybrids or from its somatic doubling. On another hand, if the allopolyploid species was formed from a triploid bridge, we demonstrated that the number of crossovers between homologous chromosomes in the allotriploid AAC hybrid was higher than in the diploid AA hybrid and the allotetraploid AAC hybrid which displayed an intermediate behaviour. The incidence of the different scenari resulting in the formation of a neopolyploid will be discussed in regard to evolution but also to its use in breeding programmes as a source of new genetic diversity in crops.

Mots-clés

Polyploidy, dynamic of stabilization, recombination

IDENTIFICATION DU PATHOBIOME DE LA TIQUE IXODES RICINUS COLLECTEE DANS LES ARDENNES

Poster n°24

Auteur

Julien Chotte

Liste complète des auteurs - Affiliations

Julien CHOTTE¹, Marie-Lazarine POULLE³, Martine COTE¹, Evelyne LENAOUR¹, Elodie DEVILLERS¹, Lorraine MICHELET¹, Sara MOUTAILLER¹, Jean-François COSSON⁴, Marc ELOIT², Muriel VAYSSIER-TAUSSAT¹.

1 USC BIPAR, INRA, ANSES, Laboratoire de Santé Animale, 23 avenue du Général de Gaulle, Maisons-Alfort;

2 PATHOQUEST, Institut Pasteur, 25 Rue du Docteur Roux, Paris;

3 URCA-CERFE, 5 rue de la Héronnière, Boult-aux-Bois.

4 CBGP, Campus International de Baillarguet CS 30016 Montferrier-sur-Lez cedex

Résumé

Les tiques transmettent une grande diversité d'agents pathogènes. Classiquement, ces agents pathogènes sont détectés par des méthodes de biologie moléculaire (PCR) basées sur l'utilisation d'amorces spécifiques ne détectant que ce qui est attendu. Des recherches montrent que les changements environnementaux impactent sur la transmission d'agents pathogènes par les tiques et entraînent l'émergence d'agents pathogènes inattendus. Dans ce contexte, l'objectif de notre étude est d'identifier sans a priori les microorganismes pathogènes chez l'espèce de tique majoritaire en Europe, *Ixodes ricinus*, puis d'évaluer leur prévalence au sein de nos échantillons. La première étape consiste à effectuer un inventaire sans a priori des microorganismes présents dans un pool de 764 tiques (268 nymphes, 228 mâles et 268 femelles) capturées à l'affût entre mai et août 2012 sur 8 sites dans les Ardennes. Pour cela, l'ARN et l'ADN de chaque échantillon sont extraits individuellement. Les ARN sont rassemblés en un pool, fragmentés aléatoirement puis séquencés via la méthode Illumina. Cette méthode permet le séquençage de 160 millions de séquences de 101 nt maximums. Les séquences sont triées, assemblées en contigs et comparées à des séquences d'organismes référencées. Des microorganismes sont sélectionnés en fonction de différents facteurs : pourcentage d'identité, nombres de reads, pathogénicité présumée pour les mammifères. Leurs prévalences au sein de nos échantillons de tiques sont évaluées en les recherchant spécifiquement par PCR ciblé à partir des extraits d'ADN. L'analyse globale de toutes les séquences d'ARN a permis d'identifier entre autres des séquences d'agents pathogènes bactériens attendus comme *Candidatus Neohelminthosiphium mikurensis*, *Rickettsia helvetica*, *Borrelia burgdorferi* s.s. qui avaient été identifiées récemment dans des tiques françaises. Leurs prévalences sont évaluées respectivement à 15,46%, 1% et 1,5%. De nombreux autres agents pathogènes connus sont détectés au sein de nos échantillons. Cette méthode a également permis de détecter des séquences proches de virus connus mais inattendus ou nouveaux appartenant aux genres *Nairovirus*, *Phlebovirus*, *Pestivirus* et *Coltivirus*. Le séquençage complet de leur génome et l'estimation de leur prévalence chez *I. ricinus* sont en cours. Une étude d'évaluation de leur pathogénicité chez la souris sera également menée. En conclusion, la technique de séquençage à haut débit et sans a priori a permis de détecter dans la zone étudiée, des séquences correspondant à des agents pathogènes connus mais non suspectés et des nouveaux virus proches de virus pathogènes connus. Leur implication dans des maladies humaines et animales dans la région étudiée et leur importance sanitaire et vétérinaire reste à évaluer.

Mots-clés

Tiques; pathobiome; séquençage Illumina

VARIATIONS TEMPORELLES DE LA DIVERSITE DES LARVES DE BIVALVES IDENTIFIEES PAR BARCODE MOLECULAIRE EN BAIE DE MORLAIX

Poster n°25

Auteur

Thierry Comtet

Liste complète des auteurs - Affiliations

Thierry Comtet,

Sophie Delerue-Ricard (Adresse actuelle: KU Leuven, Laboratory of Biodiversity and Evolutionary Genomics, Charles Deberiotstraat 32, box 2439, 3000 Leuven, Belgique),

Charlotte Roby, Eric Thiébaud, Frédérique Viard

UPMC Univ Paris 06, UMR 7144, Station Biologique, Place Georges Teissier, 29688 Roscoff Cedex, France
CNRS,

Résumé

Les communautés pélagiques côtières présentent la particularité d'être constituées d'une composante pélagique stricte (holoplancton) et d'une composante benthopélagique (méroplancton), formée principalement par les stades larvaires des invertébrés benthiques, et pouvant représenter jusqu'à 40% de l'abondance totale du zooplancton. Bien que constituant une composante transitoire des communautés pélagiques, les larves vont contribuer de façon importante aux variations spatiales et temporelles de la diversité pélagique, tant taxonomique que fonctionnelle (notamment dans le réseau trophique). Malgré ce constat, la diversité du méroplancton reste méconnue et souvent négligée. Au mieux, elle est le plus souvent abordée à un niveau taxonomique élevé (Edwards et Richardson 2004; Highfield et al. 2010), ce qui s'explique principalement par la difficulté pour nombre de groupes d'identifier les larves au niveau spécifique. Face à ces difficultés, les techniques basées sur des reconnaissances moléculaires ont été proposées, certaines centrées sur quelques espèces cibles (e.g. Le Goff et al. 2007) d'autres s'adressant à des groupes taxonomiques plus larges (Puillandre et al. 2009; Heimeier et al. 2010). Dans le but de quantifier cette diversité, nous avons étudié les variations temporelles de la richesse taxonomique des larves de bivalves, particulièrement difficiles à identifier par leur morphologie, au cours de l'année 2012 en baie de Morlaix. Neuf cents larves de bivalves ont été identifiées par barcode moléculaire basé sur une portion de 550 pb de l'ADN 18S, à l'aide d'une base de données de séquences de référence pour des espèces locales («barcode régional»). 16 familles et 48 espèces potentielles ont ainsi pu être identifiées. Les estimations de la richesse en familles et en MOTU (Molecular Operational Taxonomic Units) à l'aide de méthodes de raréfaction ont permis de montrer que la diversité méroplanctonique contribue fortement à la diversité du mésozooplancton. Si en mars et novembre les échantillons présentent une faible richesse familiale et des abondances relatives homogènes, le peuplement de larves de bivalves est dominé par quelques familles abondantes de juin à octobre. En particulier, la famille des Veneridae domine le peuplement, notamment au cours du pic d'abondance larvaire (août), où elle est principalement représentée par *Venerupis philippinarum*, espèce introduite qui représente 30% des larves identifiées à cette date. Ce travail a été soutenu par le projet Bibliothèque du Vivant (LARV).

Références bibliographiques

Edwards M, Richardson AJ (2004) Impact of climate change on marine pelagic phenology and trophic mismatch. *Nature* 430:881-884
Heimeier, D., Lavery, S., Sewell, M.A., 2010. Using DNA barcoding and phylogenetics to identify Antarctic invertebrate larvae: lessons from a large scale study. *Mar. Gen.* 3, 165-177.
Highfield, J.M., Eloi, D., Conway, D.V.P., Lindeque, P.K., Attrill, M.J., Somerfield, P.J., 2010. Seasonal dynamics of meroplankton assemblages at station L4. *J. Plankton Res.* 32, 681-691.
Le Goff M. C., Chipman A. D. & Comtet T. 2007. In situ hybridization on whole larvae: a novel method for monitoring bivalve larvae. *Marine Ecology Progress Series*, 343: 161-172.
Puillandre N., Strong E. E., Bouchet P., Boisselier M. C., Couloux A. & Samadi S. 2009. Identifying gastropod spawn from DNA barcodes: possible but not yet practicable. *Molecular Ecology Resources*, 9(5): 1311-1321.

Mots-clés

Barcoding, méroplancton, mollusques, ADN 18S, richesse spécifique, larves

GENETIC VARIATION OF TRANSCRIPTOMIC EXPRESSION IN THE FRESHWATER SNAIL *LYMNAEA STAGNALIS* EXPOSED TO A PRO-OXIDANT PESTICIDE

Poster n°101

Auteur

Marie-Agnès Coutellec

Liste complète des auteurs - Affiliations

*Coutellec Marie-Agnès¹, Anthony Bouétard¹, Claire Hoede², Olivier Bouchez², Anne-Laure Besnard¹, Marc Collinet¹

¹ INRA, UMR 0985 ESE, Aquatic Ecotoxicology Group, 65 rue de Saint-Brieuc, 35042 Rennes cedex, France

² INRA, Genotoul, 24 Chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet Tolosan, France

Résumé

Population response to stress may have a genetic component which, if additive, is the basis for adaptive evolution to local conditions. Like for quantitative polygenic traits, variation in gene expression may have a heritable genetic component. Although current empirical data strongly support stabilizing selection as primary force acting on the evolution of gene expression, this hypothesis may sometimes be difficult to disentangle from neutrality. Furthermore, gene expression patterns may reflect other forms of selection, including divergent selection. Despite the current lack of microevolutionary models specifically devoted to gene expression, population and quantitative genetic approaches addressing transcriptome-wide variation appear relevant to investigate the role played by early molecular responses to environmental stress in the process of population adaptive divergence.

We applied de novo RNAseq to investigate the evolutionary potential of transcriptomic expression in the great pond snail *Lymnaea stagnalis*. F1 lines from four populations sampled in two contrasted environment types (agricultural zones vs natural “reference” sites) were exposed under common garden to benign laboratory conditions and to a pro-oxidant herbicide, diquat. The influence of diquat, population and of historical chronic exposure to pesticides was tested using DESeq, on 45249 contigs (short read assembly, cDNA from the digestive gland). Population effect was about one order of magnitude greater than that of diquat, as measured in terms of number of significantly affected contigs (6157 vs 631). Moreover, population x diquat interaction was significant on the expression of 542 contigs, suggesting a strong genetic component in snails molecular response to oxidative stress. Past exposure to pesticides had no influence at the transcriptome level. Finally, between-population variation in gene expression was highly correlated to population genetic distance (FST, microsatellites), which suggests a main influence of random genetic drift at the transcriptome level. When exploring candidate molecular pathways involved in oxidative stress management and stress response, the pattern of population divergence was still very similar to that reflected by neutral genetic distances. We are currently conducting a more thorough study of annotated contigs, using functional enrichment tests and gene network analyses, in order to identify genes or gene modules that putatively play a key-role in population adaptive divergence with respect to oxidative stress.

Environmental genomic and evolutionary issues addressed in the presented work will be discussed in terms of relevance to future procedures of ecological risk assessment of chemicals, and of potential input of ecotoxicogenomics in this respect.

COMBINING 454-PYROSEQUENCING, Q-PCR AND FISH TO CHARACTERIZE DEEP-SEA SEDIMENT MICROBIOMES

Poster n°26

Auteur

Perrine Cruaud

Liste complète des auteurs - Affiliations

Perrine Cruaud^{1,2,3}, Adrien Vigneron^{1,2,3}, Patricia Pignet¹, Jean-Claude Caprais⁴, Anne Godfroy^{1,2,3}, Marie-Anne Cambon-Bonavita^{1,2,3}.

1 Ifremer, Laboratoire de Microbiologie des Environnements Extrêmes, UMR6197, Technopôle Brest Iroise, BP70, 29280 Plouzané, France

2 Université de Bretagne Occidentale, Laboratoire de Microbiologie des Environnements Extrêmes, IUEM UMR6197, Place Nicolas Copernic, 29280 Plouzané, France

3 CNRS, Laboratoire de Microbiologie des Environnements Extrêmes, UMR6197, Technopôle Brest Iroise, BP70, 29280 Plouzané, France
4 Ifremer, Laboratoire Environnements Profonds, UMR6197, Technopôle Brest Iroise, BP70, 29280 Plouzané, France

Résumé

In deep-sea environments, cold seeps and hydrothermal vents form localized ecosystems enriched in reduced compounds such as methane or other hydrocarbons. These conditions allow the development of highly diverse archaeal and bacterial communities in sediments. However, these microorganisms, such as ANME or MBG-D Archaea or JS-1 Bacteria, remain uncultured and poorly known. In our study, we used high-throughput sequencing of 16S rRNA gene fragment, covering archaeal and bacterial domains, to obtain a detailed taxonomic inventory of different sediment horizons underlying various faunal assemblages from the Guaymas Basin. Main microbial groups were also quantitatively assessed through Q-PCR and potential interactions between microorganisms were highlighted via FISH microscopy. Significant correlations were found between geochemical composition of sediments, structure of microbial communities and colonizers of surface sediments. Our results led us to different hypotheses we shall expose, to explain the faunal and the microbial distribution in cold seep sediments.

Mots-clés

Microbial communities, cold seeps, pyrosequencing Q-PCR, FISH, Guaymas Basin

AN EXTREME CASE OF PLANT-INSECT CO-DIVERSIFICATION: FIGS AND FIG-POLLINATING WASPS

Poster n°27

Auteurs

Astrid Cruaud

Liste complète des auteurs - Affiliations

Astrid Cruaud¹, Nina Rønsted³, Roula Jabbour-Zahab¹, Gwenaëlle Genson¹, Jean-Yves Rasplus¹

¹ INRA UMR 1062 CBGP (INRA/IRD/CIRAD/SupAgro) Montferrier-sur-Lez, France.

² The Natural History Museum of Denmark, Copenhagen, Denmark.

Résumé

The paradigm that attributes speciation in phytophagous insects to colonization of novel host plants is predicated on the asynchronous radiation of plant and insect lineages. Recent phylogenetic comparisons have supported this model of diversification for insect herbivores and specialized pollinators alike. Among the few outstanding cases where contemporaneous plant-insect diversification might be expected is the obligate mutualism between fig trees (*Ficus* species, Moraceae) and their pollinating wasps (Agaonidae, Hymenoptera). The ubiquity and ecological significance of this mutualism in tropical and subtropical ecosystems has long intrigued biologists but the systematic challenge posed by >750 interacting species pairs has hindered progress toward understanding its' evolutionary history. In particular, taxon sampling and analytical tools have been insufficient for co-phylogenetic analysis of such a large problem until now. We obtained ~6 kb of DNA sequence from a global sample of nearly 200 interacting species pairs and we developed a new analytical tool, Jane 2, for event-based phylogenetic reconciliation analysis of extremely large data sets. Separate Bayesian phylogenetic analyses for figs and fig wasps under relaxed molecular clock assumptions suggested the Cretaceous diversification of crown groups and contemporaneous divergence for nearly half of all fig and pollinator lineages. Event-based co-phylogenetic analyses further supported the co-diversification hypothesis. Biogeographic analyses indicated that the present-day distribution of fig and pollinator lineages is consistent with a Eurasian origin and subsequent dispersal rather than with Gondwanan vicariance. These findings suggest that the fig-pollinator mutualism represents an extreme case among plant-insect interactions of coordinated dispersal and long-term co-diversification.

Références bibliographiques

Cruaud A.* , Rønsted, N.* (equal contributors), Chantarasuwan B., Chou L.S., Clement W., Couloux A., Cousins B., Forest F., Genson G., Harrison R.D., Hossaert-McKey M., Jabbour-Zahab R., Jousset E., Kerdelhué C., Kjellberg F., Lopez-Vaamonde C., Peebles J., Pereira R.A.S, Schramm T., Ubaidillah R., van Noort S., Weiblen G.D., Yang D.R, Yan-Qiong P., Yodpinyanee A., Libeskind-Hadas R., Cook J.M., Rasplus J.-Y. & Savolainen V. 2012. An extreme case of plant-insect co-diversification: figs and fig-pollinating wasps. *Systematic Biology*, 61: 1029-1047

Mots-clés

Biogeography, coevolution, phylogeny, mutualism

Poster n°28

Auteur

Auteurs et Orateurs

Thibaud Decaens

Liste complète des auteurs - Affiliations

Thibaud Decaens, University of Rouen, France; thibaud.decaens@univ-rouen.fr

David Porco, University of Rouen, France; david.porco@univ-rouen.fr

Sylvain Dolédec, University of Lyon 1, France; sylvain.doledec@univ-lyon1.fr

Lise Dupont, University Paris 6, France; lise.dupont@univ-paris12.fr

Aurélié Husté, University of Rouen, France; aurelie.huste@univ-rouen.fr

Johan Oszwald, University of Rennes, France; johan.oszwald@univ-rennes2.fr

Jean-Pierre Rossi, IRNA, Montpellier, France; jean-pierre.rossi@supagro.inra.fr

Rodolphe Rougerie, INRA, Orléans, France; rrougeri@gmail.com

David Sebag, University of Rouen/IRD, Cameroun; David.Sebag@univ-rouen.fr

G. Blagoev, University of GuelphC. Young, Carnegie Museum of Natural HistoryJoel Gibson, University of Guelph, Canada; jfgibson@uoguelph.ca

Shadi Shokralla, University of Guelph, Canada; sshokral@uoguelph.ca

Mehrdad Hajibabaei, University of Guelph, Canada; mhajibab@uoguelph.ca

Résumé

The biodiversity of soil animal communities is still poorly known, small body-sized and large invertebrates of the macrofauna, suffering both from a strong taxonomic deficit. The coupling of DNA barcoding and environmental sequencing is now providing innovative and promising tools to avoid this impediment and fasten the description of soil biodiversity. In this poster we present preliminary results from the GENOSOIL-Fr project, which aimed to develop innovative molecular methods allowing biodiversity estimations for a broad taxonomic spectrum of soil organisms. In a first step, we built comprehensive reference libraries of DNA barcodes (CO1) for a range of soil invertebrates. The second step was the analysis of invertebrate and soil samples taken in contrasted ecosystems to compare species richness estimations obtained using classical identification (based on morphological characters) or genomic approaches (using the Molecular Operational Taxonomic Units as surrogates to species). Molecular approaches included (1) systematic DNA barcoding of soil invertebrates; (2) pyrosequencing (using Roche 454) of bulk samples composed of invertebrate fragments; (3) pyrosequencing of soil environmental samples.

Mots-clés

Soil biodiversity; DNA barcoding; Environmental barcoding; Roche 454

Poster n°29

Auteur

Erick Desmarais

Liste complète des auteurs - Affiliations

E. Desmarais CNRS, F. Cerqueira CNRS, P. Clair Université Montpellier 2, P. Gauthier IRD, C. Tougard CNRS, F. Simard IRD et P. Jarne CNRS

Résumé

Dans le cadre de son projet scientifique, le Centre Méditerranéen de l'Environnement et de la Biodiversité fédère, coordonne et soutient plusieurs plateformes technologiques sur le site de Montpellier, dont une plateforme de Génomique Environnementale dédiée aux analyses de génomique des populations et écologie moléculaire sur la biodiversité. Focalisée sur l'étude des espèces dites orphelines (i.e. sans intérêt agronomique ou non-modèles), la plateforme s'est spécialisée dans le génotypage d'ADN à moyen débit et les méthodologies de « barcoding » dans le but d'inventorier et analyser la diversité génétique. Elle regroupe plusieurs plateaux techniques proposant une large palette de compétences et de technologies comprenant l'extraction automatisée des ADN ou ARN pour les grands échantillonnages, l'évaluation qualitative et quantitative des produits obtenus, la caractérisation génétique des individus par génotypage ou séquençage capillaire des marqueurs utilisés classiquement en biologie des populations, la quantification de la présence d'espèces ou de l'expression génique par PCR quantitative et le génotypage moyen-débit de SNP par PCR en temps réel. L'avènement de nouvelles technologies d'acquisition ultra haut débit de données génétiques aussi bien par séquençage que par génotypage SNP a bouleversé la façon de concevoir les projets scientifiques aussi bien en termes de conception du plan d'échantillonnage initial que de la qualité requise desdits échantillons et des analyses auxquels ils sont soumis. La plateforme de Génomique Environnementale a donc accompagné ce changement et développé un projet visant à exploiter au mieux ses ressources déjà existantes et, à terme, à mettre en place tous les outils nécessaires pour que ses utilisateurs puissent bénéficier des avantages apportés par ces nouvelles technologies. Elle regroupera donc à terme au sein d'une même infrastructure l'ensemble des moyens nécessaires au traitement des échantillons après leur collecte et jusqu'à leur conditionnement en vue d'une analyse haut-débit. Ouverte à l'intégralité de la communauté de recherche du Labex (8 UMRs et 1 US soit plus de 700 utilisateurs potentiels) et à leurs partenaires extérieurs, le fonctionnement de la plateforme a nécessité la mise en place d'outils spécifiques de management et de gestion qui en font un modèle pour l'ensemble des plateformes mutualisées dans le cadre des initiatives d'excellence.

Mots-clés

Plateforme, Analyse génétique, Génomique des populations

TOLERANCE ET INTOLERANCE AU JEUNE CHEZ UN TELEOSTEEN, LE BAR (DICENTRARCHUS LABRAX) : BASES PHYSIOLOGIQUES MOLECULAIRES ET DETECTION DE POLYMORPHISMES PAR APPROCHES GENOMIQUES HAUT-DEBIT

Poster n°30

Auteur

Erick Desmarais

Liste complète des auteurs - Affiliations

E. Desmarais^{1,5}, C. Breton¹, J.-C. Avarre^{1,6}, K. Belkhir¹, A. Vergnet², M. Vandeputte³, B. Chatain², D. McKenzie⁴, F. Bonhomme^{1,7} & B. Guinand^{1,7}

1: UMR CNRS 5554, Institut des Sciences de l'évolution de Montpellier, Université Montpellier 2

2: Ifremer, Station Expérimentale d'aquaculture de Palavas-les-Flots

3: INRA, Coopération Piscicole, GDR INRA-Ifremer, Palavas-les-Flots

4: UMR CNRS 5119, Laboratoire d'écologie des Systèmes Marins Côtiers (ECOSYM), Université Montpellier 2

5: LabEx CeMEB (Centre Méditerranéen Environnement Biodiversité), Université Montpellier 2

6: UMR IRD 206, Université Montpellier 2

7: Station Méditerranéenne de l'environnement Littoral, Université Montpellier 2, Sète

Résumé

Les poissons sont naturellement soumis à des périodes de jeûne poussé au cours de leur cycle de vie en raison de la variabilité de la disponibilité des ressources alimentaires ou des migrations qu'ils entreprennent. Chez le bar (*Dicentrarchus labrax*), il a été montré que des stratégies de tolérance et d'intolérance au jeûne pouvaient cohabiter et que cette (in)tolérance était héritable. Chez cette espèce, il existe donc une opportunité de comprendre quels mécanismes physiologiques, quels métabolismes, quels gènes et quels polymorphismes sont impliqués dans l'utilisation préférentielle des substrats énergétiques chez des individus tolérants et intolérants au jeûne. Profitant de croisements contrôlés entre individus de phénotype connu vis-à-vis du jeûne, un séquençage de transcriptome et une analyse haut-débit de l'expression différentielle des gènes ont été mises en œuvre dans deux organes (foie et intestin) après deux challenges d'exposition au jeûne afin d'identifier les transcrits, les gènes puis leurs différences d'expression chez cette espèce. Un total de 594 gènes annotés dans le foie et 421 dans l'intestin ont été détectés comme significativement différemment exprimés entre phénotypes. Les principales voies métaboliques identifiées comme impliquées dans la différenciation phénotypique concordent avec une utilisation différentielle des lipides et des protéines comme substrat énergétique de chaque phénotype (le phénotype «intolérant» utilise les lipides plus vite et les stocke moins et est donc amené à dégrader les protéines plus rapidement que le phénotype «tolérant»). Le re-séquençage haut-débit par 'capture' chez 45 individus de l'ensemble des régions codantes et non codantes de 48 gènes détectés comme différemment exprimés et incluant leur région promotrice proximale a montré l'existence de plusieurs milliers de polymorphismes (SNP, indels,...). À terme ce travail devra permettre de mieux comprendre les bases moléculaires de la tolérance au jeûne chez les téléostéens.

Mots-clés

Bar, jeûne, tolérance, RNAseq, SuperSAGE, expression différentielle, reséquençage, polymorphisme

LE STATUT DU CHEVESNE CATALAN *SQUALIUS LAIETANUS* (ACTINOPTERYGII, CYPRINIDAE) EN FRANCE : APPORT DES DONNEES MORPHOLOGIQUES ET MOLECULAIRES.

Poster n°31

Auteur

Agnès Dettai

Liste complète des auteurs - Affiliations

Denys, G. P.J. 1, Dettai, A, 2, H. Persat, H.3, Doadrio, I.4, Cruaud, C. 5, Keith, P.1

(1) Muséum national d'Histoire naturelle, UMR BOREA MNHN - CNRS 7208 - IRD 207 - UPMC, CP26, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05, France;

(2) Muséum national d'Histoire naturelle, UMR SAE 7138, CP26, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05, France;

(3) Écologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés, LEHNA UMR 5023, Bat. Forel, Université Claude Bernard Lyon 1, 69622 Villeurbanne Cedex, France;

(4) National Museum of Natural Sciences, Spanish Research Council, Dpt of Biodiversity and Evolutionary Biology, José Gutiérrez Abascal 2 Str., 28006 Madrid, Spain;

(5) Genoscope, Centre National de Séquençage, 2 rue Gaston Crémieux, CP5706, 91057 Évry Cedex, France;

Résumé

Deux espèces de chevesnes sont présentes dans les bassins versants français. Le chevesne commun *S. cephalus* est largement répandu, tandis que le chevesne catalan *S. laietanus* est restreint aux Pyrénées Orientales. Les spécimens espagnols des deux espèces sont clairement distinguables aussi bien sur le plan morphologique que sur le plan moléculaire, mais il n'avait pas de données moléculaires sur des spécimens provenant des bassins français. Trente-deux stations sur tout le réseau hydrographique français ont permis de collecter 155 spécimens, dont 60 ont été utilisés pour les analyses moléculaires sur les marqueurs du COI (mitochondrial) et de la rétro-rhodopsine (gène nucléaire). Deux clusters d'haplotypes sont présents pour le marqueur du COI, indiquant la présence du *S. laietanus* en France du bassin de la Massane à l'Agly. Les deux espèces sont sympatriques dans certaines stations. Il n'y a pas toujours de congruence entre les résultats moléculaires et les données morphologiques, suggérant d'éventuelles hybridations entre les deux espèces. *S. laietanus* pourrait être menacé en France et son statut de la Liste Rouge doit être réévalué afin d'entreprendre des mesures de conservation.

Mots-clés

Téléostéens, barcode, taxinomie intégrative, faune française

RESULTS AND LIMITS OF COI BARCODING FOR THE EXPLORATION OF THE SOUTHERN OCEAN BIODIVERSITY AND EVOLUTION: ARE MITOGENOMES THE ANSWER ?

Poster n°32

Auteur

Agnès Dettai

Liste complète des auteurs - Affiliations

Dettai A1, Gallut C1, Brouillet S2, Pothier J2, Lecointre G,

1, Lautrédou, A.C.1, Monniot F.3, Couloux, A.4, Debruyne R5.¹ UMR7138 SAE, Muséum National d'histoire Naturelle, CP26, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05.

2; Atelier de BioInformatique, UFR 927, Université Pierre et Marie Curie, Paris, France

3; UMR 5178 BOME, Muséum national d'histoire naturelle, CP26, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05.

4; Génoscope. Centre National de Séquençage. 2, rue Gaston Crémieux, CP5706, 91057 Evry cedex, France.

5;UMS 2700 OMSI, Muséum National d'histoire Naturelle, CP26, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05.

Résumé

Recent molecular systematics studies of many taxonomic groups have greatly developed our knowledge of marine antarctic biodiversity and its evolution. Unveiling unexpected evolutionary patterns and cryptic species, the results laid the groundwork for further large integrative studies for many taxonomic groups. We will here present some of these results for teleost fish and ascidians, for mitochondrial barcode marker COI and some complementary nuclear markers. However, to go further in these studies, we need an array of easily obtainable, highly variable sequence markers using the revolution in sequencing techniques represented by next generation sequencing (NGS). Complete mitochondrial genome sequences have been increasingly used in systematics and evolutionary studies in the recent years. They possess interesting features for the problem at hand, but obtention through classical PCR and sequencing approaches remains heavy. Starting in 2000 (Pollock et al. 2000, Timmermans et al. 2010, Dettai et al. 2012), there have been proposals and tests for multiplexed, non-tagged sequencing based on the dissimilarity of the mitogenome sequences of distant organisms for sorting and attribution of the sequences. This, combined to the sequencing power of NGS, now makes mitogenome sequencing technically and economically interesting even for large scale comparative studies. The whole mitogenome needs to be completed with independent nuclear sequence markers for in depth evolutionary studies. However, the complete mitochondrial genome represents a considerable improvement over single mitochondrial markers. The additional data provides many more informative sites, as well as gene order. The data generated is also compatible and can thus be combined with previous mitochondrial based studies and projects, like the Barcode of Life for Antarctic species. Mitogenome data can also be used for metagenomics studies on zooplankton or meiofaunal complex samples, and yield more variable sequences than the commonly used 18S rDNA. However, the approach needs to be tested and developed to establish the best preservation techniques and extraction and sequencing protocols for various taxonomic groups, as well as developing the data assembly and analyses. We present here the approach and some results for carefully selected taxa (fish and ascidians).

Références bibliographiques

Dettai A, Gallut C, Brouillet S, Pothier J, Lecointre G, Debruyne R. Conveniently pre-tagged and pre-packaged: extended molecular identification and metagenomics using complete metazoan mitochondrial genomes. PlosOne; 7(12): e51263. DOI: 10.1371/journal.pone.0051263 ; Pollock DD, Eisen JA, Doggett NA, Cummings MP. 2000. A case for evolutionary genomics and the comprehensive examination of sequence biodiversity. Mol Biol Evol 7: 1776-1788. Timmermans MJ, Dodsworth S, Culverwell CL, Bocak L, Ahrens D, Littlewood DT, Pons J, Vogler AP (2010) Why barcode? High-throughput multiplex sequencing of mitochondrial genomes for molecular systematics. Nucleic Acids Res 38(21): e197. doi: 10.1093/nar/gkq807.

Mots-clés

Mitogenome, cytochrome oxidase 1, barcoding, Antarctic, marine biodiversity

ADAPTATION A LA DEGRADATION DE L'ATRAZINE : INSERTION CHROMOSOMIQUE DU PLASMIDE PADP1 CHEZ PSEUDOMONAS SP. ADP

Poster n°33

Auteurs

Marion Devers

Liste complète des auteurs - Affiliations

Marion Devers-Lamrani*, Frédérique Changey, Nadine Rouard, Aymé Spor, Fabrice Martin-Laurent INRA, UMR1347 Agroécologie, F-21065 Dijon

Résumé

Suite à l'application d'atrazine (1960 à aujourd'hui), la microflore bactérienne des sols s'est adaptée et a acquis la capacité de la dégrader afin de s'en servir de source d'azote et d'énergie. Cette adaptation repose sur l'acquisition récente par les souches dégradantes des gènes atzABCDEF. L'organisation génétique des gènes atzA, atzB et atzC, qui ne semblent pas soumis à régulation et qui sont souvent retrouvés sur des plasmides et/ou des éléments génétiques mobiles, suggère le caractère récent et dynamique de cette voie métabolique. Dans ce contexte, cette fonction constitue un modèle de choix pour l'étude de l'évolution et de la stabilisation d'une nouvelle fonction catabolique au sein d'un génome bactérien. L'expérience a consisté à cultiver de façon répétée la souche *Pseudomonas sp. ADP* dans un milieu contenant de l'atrazine comme seule source d'azote (MSA) pendant 1000 générations. Chez cette souche, les gènes atzABCDEF sont situés sur un plasmide (pADP1, 109kb) et entourés de séquences d'insertion. Nous avons comparé la valeur sélective (fitness) et l'organisation génomique de la population initiale (G0) avec celles des populations évoluées après 320 (G320); et 1000 (G1000) générations. La population évoluée après 320 générations (G320) présente une meilleure aptitude à dégrader l'atrazine. Des analyses moléculaires ont révélé que cette augmentation de compétitivité était associée à la duplication en tandem du gène atzB sur le plasmide ADP1 (Devers et al. 2008). Après 1000 générations, des tests de compétition ont montré une augmentation de la fitness de la population G1000 pour la croissance en milieu MSA (fitness relative, $W=1.36$). Des expériences de type PFGE et Southern blot ont également révélé que (i) la duplication en tandem était conservée chez la population G1000 et que (ii) tout ou partie du plasmide ADP1 avait été intégré dans le chromosome de la souche. Pour mieux caractériser les réorganisations génomiques observées au cours de cette expérience, les génomes des populations G0, G320 et G1000 ont été séquencés (Illumina MiSeq, 2x250pb, bibliothèques Shotgun et MatePair). L'assemblage et la comparaison des génomes des trois populations est en cours et devrait nous permettre de mieux caractériser l'ensemble des mutations ainsi que les réarrangements génomiques (intégration du plasmide pADP1, duplication des gènes atzB) survenus au cours de cette évolution expérimentale.

Références bibliographiques

Devers, M., N. Rouard, and F. Martin-Laurent. 2008. Fitness drift of an atrazine-degrading population under atrazine selection pressure. *Environmental Microbiology* 10:676-684.

Mots-clés

Atrazine, séquence d'insertion, fitness, évolution expérimentale

Poster n°34

Auteur

Nolwenn Marie Dheilly

Liste complète des auteurs - Affiliations

Dheilly NM1,2,3, Maure F3,4, Ravallec M5, Duval D1,2, Doyon J4, Galinier R1,2, Brodeur J4, Mitta G1,2, Gourbal B1,2, Thomas F3

1-Université de Perpignan Via Domitia, Perpignan, F-66860, France

2- CNRS, UMR 5244, Ecologie et Evolution des Interactions (2EI), Perpignan, F-66860, France

3-IRD, MIVEGEC (UMR CNRS/IRD/UM1/UM2), 911 Avenue Agropolis, BP 64501, FR-34394 Montpellier cedex 5, France

4-Institut de recherche en biologie végétale, Département de sciences biologiques, Université de Montréal 4101, rue Sherbrooke est, Montréal, Québec, Canada H1X 2B25-INRA (UMR 1333), Université de Montpellier 2, "Insect-Microorganisms Diversity, Genomes and Interactions", Place Eugène Bataillon, CC101, 34095 Montpellier Cedex, France

Résumé

The bodyguard manipulation alters the behavior of the host in ways that provide protection to the parasite from predators or other dangers. An original model associates the parasitoid *Dinocampus coccinellae* and its host the ladybird, *Coleomegilla maculata*. When the wasp larva egresses and spins a cocoon between the host legs, the ladybird remains partially paralyzed on the top of the parasitoid cocoon and exhibits tremors fending off predators. The aim of the reported work was to determine the molecular mechanisms responsible for the bodyguard behavior. We used a Dual-RNA sequencing approach to (i) generate de novo reference transcriptomes of *C. maculata* and *D. coccinellae* and (ii) undertake a comparative transcriptomic analysis over the course of parasite development. These analyses revealed the effect of the parasitoid on its host nutritional physiology, gametogenesis, humoral immunity, growth, and revealed new potential parasitoid virulence factors including venom-encoding genes and a positive RNA virus that we named *D. coccinellae* paralysis virus (DcPV). The abundance of the virus could also be monitored from RNAseq data and revealed that the DcPV replication in the cerebral ganglia of the ladybird correlates with the expression of the bodyguard behavior. Complementary studies confirmed that the DcPV is a vertically transmitted endosymbiont of the parasitoid wasp.

Mots-clés

Symbiosis, bodyguard manipulation, RNA virus, host-parasite interaction, RNA sequencing, de novo transcriptome assembly

DIVERSITY OF BACTERIA ASSOCIATED TO BROWN ALGAE OF THE GENUS ECTOCARPUS

Poster n°35

Auteur

Simon Dittami

Liste complète des auteurs - Affiliations

Simon M. Dittami^{1,2}, Laëticia Duboscq-Bidot³, Morgan Perennou⁴, Catherine Boyen^{1,2}, Thierry Tonon^{1,2}

¹ Université Pierre et Marie Curie Paris 06, Station Biologique, 29680 Roscoff, France

² Centre National de la Recherche Scientifique, Station Biologique, Unité Mixte de Recherche 7139 Marine Plants and Biomolécules, 29680 Roscoff, France

³ Institut de Recherche Thérapeutique de l'Université de Nantes, UMR 1087, Plateforme Génomique, 44007 Nantes, France

⁴ Plateforme de Séquençage-Génotypage, FR 2424 CNRS UPMC, Station Biologique, 29680 Roscoff, France;

Résumé

Ectocarpus is a genus of small, filamentous brown algae that has been established as a genomic model for this lineage (Cock et al., 2010). Cultures of different strains of Ectocarpus are used for a wide range of physiological experiments. Although it is known that these cultures contain bacteria, the identities of the latter and possible interactions with the algae remain unknown. Here we present 16S metabarcoding data (400 bp fragment, V3-V4 regions, generated using the MiSeq platform) of bacteria either associated directly to the algae or found in the culture medium of (1) the genome-sequenced Ectocarpus siliculosus and (2) a number of stress-tolerant strains of Ectocarpus subulatus. Approximately 600 independent operational taxonomic units (OTUs) were identified and the PICRUST software (Langille et al., 2013) was used to infer hypothetical meta-genomes associated to the different communities. This analysis allowed us to identify functional groups of proteins characteristic for bacteria dominant either in the medium or living on the algae. Furthermore, comparisons between bacterial communities of E. subulatus cultures grown in freshwater and in seawater (Dittami et al., 2012), allowed us to generate hypotheses about bacteria that may be important for the acclimation to freshwater in E. subulatus. All in all our data form a starting point for future work on Ectocarpus that considers both the algae and the associated bacteria, i.e. the holobiont.

Références bibliographiques

Cock, J. M., Sterck, L., Rouzé, P., Scornet, D., Allen, A. E., Amoutzias, G., ... Wincker, P. (2010). The Ectocarpus genome and the independent evolution of multicellularity in brown algae. *Nature*, 465(7298), 617–21. doi:10.1038/nature09016

Dittami, S. M., Gravot, A., Goullitquer, S., Rousvoal, S., Peters, A. F., Bouchereau, A., ... Tonon, T. (2012). Towards deciphering dynamic changes and evolutionary mechanisms involved in the adaptation to low salinities in Ectocarpus (brown algae). *Plant Journal*, 71(3), 366–377.

Langille, M. G. I., Zaneveld, J., Caporaso, J. G., McDonald, D., Knights, D., Reyes, J. A., Huttenhower, C. (2013). Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences. *Nature Biotechnology*, 31(9), 814–821.

Mots-clés

Alga-associated bacteria, 16S metabarcoding, holobiont, co-acclimation

BACTERIAL COMMUNITIES INFLUENCED BY *WOLBACHIA*? COMMUNITY STRUCTURE AND MAJOR PLAYERS IN THE TERRESTRIAL ISOPOD MICROBIOTA

Poster n°36

Auteur

Jessica Dittmer

Liste complète des auteurs - Affiliations

Jessica Dittmer, Jérôme Lesobre, Monique Johnson, Didier Bouchon UMR CNRS 7267 - Ecologie et Biologie des Interactions, équipe Ecologie Evolution Symbiose, Université de Poitiers, France

Résumé

In recent years, endosymbiotic communities, the interactions between different community members and their synergistic effects on host evolution have become important aspects in symbiosis research. Terrestrial isopods represent an excellent model system for the understanding of multipartite symbioses due to their well-characterised association with *Wolbachia*. These endosymbiotic bacteria act as reproductive parasites in terrestrial isopods, inducing the feminisation of genetic males in *Armadillidium vulgare*. To date, three different feminizing *Wolbachia* strains have been identified in this host (wVulC, wVulM, wVulP). These strains vary in their density patterns across host tissues, possibly indicating different host-symbiont co-evolutionary histories. However, the microbiome of terrestrial isopods has never been analysed on a large scale and the role of *Wolbachia* within the bacterial community remains unknown. To fill this gap, we characterized the tissue-specific bacterial communities in *A. vulgare* (in the gonads, nerve cord, haemolymph, midgut caeca, hindgut), combining qPCR and 16S rRNA gene amplicon pyrosequencing. In order to gain insight into intra-community dynamics, we analysed bacterial communities present in hosts from several laboratory lineages as well as field populations, depending on (i) presence or absence of *Wolbachia* and (ii) infection with different *Wolbachia* strains. *Wolbachia* infection was an important factor influencing bacterial community structure under controlled laboratory conditions. Furthermore, *Wolbachia* represented the predominant member of the bacterial community in infected individuals. Apart from *Wolbachia*, we detected a second highly abundant bacterium: *Candidatus Hepatoplasma crinochetorum*, a facultative symbiont previously reported from the midgut caeca, was for the first time observed in all tested host tissues. Moreover, *Ca. H. crinochetorum* co-occurred with *Wolbachia*. The potential interactions of *Wolbachia* and *Ca. H. crinochetorum* constitute an interesting example for symbiont-symbiont relationships between two highly abundant members of a diverse bacterial community. On a larger scale, changes at the microbiome level can be expected to affect various aspects of host biology, resulting in dynamic tripartite symbiont-microbiome-host relationships.

Mots-clés

Bacterial Community, Microbiota, Symbiosis, *Wolbachia*, 16S Amplicon Sequencing

ORGANISATION ET EVOLUTION DES SEQUENCES DE POLYDNAVIRUS DANS LE GENOME DE LA GUEPE PARASITOÏDE COTESIA CONGREGATA

Poster n°37

Auteur

Jean-Michel Drezen

Liste complète des auteurs - Affiliations

Annie Bézier¹, Georges Periquet¹, Gabor Gyapay², Karine Musset¹, Elisabeth A. Herniou¹, Jean-Michel Drezen¹

¹ Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, CNRS UMR 7261, Université François Rabelais, Parc de Grandmont, 37200 Tours, France.

² Commissariat à l'Énergie Atomique, Génoscope (Centre National de Séquençage) 2 rue Gaston Crémieux, CP 5706, 91057 Evry Cedex, France.

Résumé

Les bracovirus sont des virus symbiotes de guêpes parasites associés avec plus de 17000 espèces de guêpes dont les stades larvaires se développent dans le corps d'autres insectes (endoparasitoïdes). Les particules de bracovirus sont introduites dans l'hôte avec les œufs, lors de la ponte de la guêpe. Le génome contenu par ces particules est composé de plusieurs dizaines de cercles d'ADN double brin produits exclusivement dans les ovaires à partir de leur forme intégrée dans les chromosomes de la guêpe. Les guêpes associées aux bracovirus forment un groupe monophylétique dont l'ancêtre vivait il y a environ 100 millions d'années. Celui-ci a incorporé à son propre génome celui d'un virus de la famille des nudivirus (proche des baculovirus) qui a ensuite été transmis verticalement dans les différentes lignées donnant ainsi les bracovirus actuels. Nous avons récemment caractérisé la forme provirale des cercles du bracovirus CcBV dans le génome de la guêpe *Cotesia congregata* par une approche classique. Les séquences correspondant aux deux tiers des cercles sont localisées dans une même région constituant un macrolocus viral tandis que les autres sont dispersées en 7 loci comprenant chacun un faible nombre de séquences (1-3). Une analyse comparative de la forme intégrée de 4 espèces proches a permis de mettre en évidence la dynamique à l'œuvre dans l'évolution des bracovirus. La présence des mêmes gènes de guêpes dans les régions entourant les séquences virales des différentes espèces indique que celles-ci sont remarquablement stables dans le génome des guêpes. En revanche leur contenu diffère par de nombreuses duplications qui se sont produites au cours de l'évolution des guêpes. L'obtention du génome complet de la guêpe *Cotesia congregata* par une approche de séquençage haut débit devrait permettre d'obtenir prochainement une vue plus globale de l'organisation respective des séquences virales dans le génome de la guêpe et de déterminer en particulier si les gènes nudiviraux impliqués dans la production des cercles sont situés dans la même région génomique que le macrolocus qui correspondrait au site d'intégration initial du génome du nudivirus ancêtre capturé.

Références bibliographiques

When parasitic wasps hijacked viruses: genomic and functional evolution of polydnviruses, Philosophical transactions of the Royal Society B, 2013, 368, p 1-13 Elisabeth A. Herniou, Elisabeth Huguet, Julien Thézé, Annie Bézier, Georges Periquet and Jean-Michel Drezen
Functional endogenous viral elements; in the genome of the parasitoid wasp *Cotesia congregata*: insight into the evolutionary dynamics of bracoviruses, Philosophical Transactions of the Royal Society B, 2013, 368, p 1-15 Annie Bézier, Faustine Louis, Séverine Jancek, Georges Periquet, Julien Thézé, Gabor Gyapay, Karine Musset, Jérôme Lesobre, Patricia Lenoble, Catherine Dupuy, Dawn Gundersen-Rindal, Elisabeth Herniou, Jean-Michel Drezen.
Adaptive selection on bracovirus genomes drives the specialization of *Cotesia* parasitoid wasps, PLoS ONE, 28 mai 2013, Séverine Jancek, Annie Bézier, Philippe Gayral, Corentin Paillusson, Laure Kaiser, Stéphane Dupas, Bruno Le Ru, Valérie Barbe, Georges Periquet, Jean-Michel Drezen, Elisabeth Herniou. doi:10.1371/journal.pone.0064432.
Bracovirus genome of the parasitoid wasp *Cotesia congregata* is amplified within 13 replication units including sequences not packaged in the particles, Journal of Virology, 87, p 9649-60 Faustine Louis, Annie Bézier, Georges Periquet, Cristina Ferras, Jean-Michel Drezen, Catherine Dupuy. doi: 10.1128/JVI.00886-13

Mots-clés

Polydnvirus, bracovirus, parasitoïde, symbiose

DIVERSITE BACTERIENNE ET PHAGIQUE D'ECHANTILLONS DE SABLE DES DESERTS D'ASIE ET DE L'AMERIQUE DU NORD.

Poster n°38

Auteurs

Michael DuBow

Liste complète des auteurs - Affiliations

Michael DuBow Yang Wang Jorge Osman Micheline Terrier Shu An Christophe Regeard
Université Paris-Sud
Institut de Génétique et Microbiologie CNRS UMR 8621 Bâtiment 409 91405 ORSAY FRANCE

Résumé

La diversité des microorganismes et leurs capacités d'adaptation leur a permis de coloniser presque toutes les niches écologiques terrestres, même celles dont les conditions de vie sont les plus extrêmes. Aujourd'hui, il est admis que moins de 1% des bactéries environnementales sont cultivables en condition de laboratoire et donc les méthodes génomiques sont nécessaires pour découvrir la composition bactérienne dans un environnement donné. Les régions désertiques représentent près de 30% de la surface de la terre émergée, mais la biodiversité des bactéries et leurs virus (bactériophages) qui se trouvent dans les déserts est rarement étudiée. Nous avons entamé une étude de la biodiversité microbienne des déserts asiatiques du Gobi (Mongolie) et du Taklemaken (Chine). Pour cela, nous nous sommes appuyés sur les techniques de métagénomiques qui se basent sur l'extraction d'ADN directement à partir d'échantillons environnementaux, en s'affranchissant des étapes de culture. Ces techniques ont été utilisées à partir des échantillons, provenant des déserts asiatiques, afin d'observer la biodiversité microbienne en utilisant comme technique d'étude le pyrosequençage des régions variables V1-V3 de l'ADN ribosomique 16S. Les analyses phylogénétiques effectuées ont permis de décrire une diversité importante (entre 1 100 et 2 300 OTU's par échantillon) et la présence probable de nouveaux groupes bactériens. En plus, nous avons entamé des projets d'analyse de la biodiversité bactérienne et phagique des déserts nord-américains, dans l'objectif de mettre en évidence une possible corrélation des microorganismes spécialement adaptés à ces environnements. Nous avons des échantillons de Death Valley, du San Rafael Swell en Utah, et le «faux désert» Desert of Maine, un lieu touristique plutôt qu'un vrai désert dans le nord-est des Etats Unis. L'analyse des populations bactériennes suggère une richesse et une biodiversité assez vaste et digne d'une examination plus approfondie.

Mots-clés

Déserts, bactéries, phages, HTS

DIVERSITE DES PHOSPHATASES ALCALINES MICROBIENNES : DES SEQUENCES AUX FONCTIONS

Poster n°39

Auteurs

Elodie Duprat

Liste complète des auteurs - Affiliations

Elodie Duprat¹, Gaëlle Lelandais², Julie Cosmidis³, Fériel Skouri-Panet^{1,3}, Karim Benzerara³

¹ IMPMC UMR 7590 (Université Pierre et Marie Curie, CNRS, IRD), Equipe Bioinformatique et Biophysique, Case Courrier 115, 4 place Jussieu, 75252 Paris Cedex 05

² IJM UMR 7592 (Université Paris Diderot, CNRS), Bâtiment Buffon, 15 rue Hélène Brion, 75205 Paris Cedex 13

³ IMPMC UMR 7590 (Université Pierre et Marie Curie, CNRS, IRD), Equipe Géobiologie, Case Courrier 115, 4 place Jussieu, 75252 Paris Cedex 05

Résumé

Le phosphore est un nutriment essentiel mais globalement limitant pour la biosphère [1]. Les bactéries jouent un rôle actif dans la précipitation des phosphates de calcium à l'origine des gisements de phosphorites, puits majeur du phosphore [2]. Actuellement, les phosphorites en formation sont principalement localisées au niveau des zones d'upwelling de marges continentales (Pérou, Chili, Mexique, Namibie, ...). Les mécanismes biogéochimiques à l'origine de ces gisements restent mal compris. Un acteur moléculaire est de plus en plus proposé dans la littérature : il s'agit des phosphatases, enzymes libérant du phosphate par hydrolyse de molécules organiques. Cette vaste superfamille comprend au moins trois familles de phosphatases alcalines microbiennes (PhoA, PhoD, PhoX). Celles-ci diffèrent notamment par leur séquence, structure, spécificité de substrat, localisation cellulaire, mode de régulation et coenzymes métalliques [3-4]. Jusqu'ici, il n'y a pas eu d'étude de fond destinée à comprendre comment leur diversité influence la biominéralisation des phosphates de calcium. Nous avons constitué une base de données de séquences dédiée à ces familles, permettant de mieux appréhender leur diversité et distribution au sein des microorganismes. Les signatures établies pour chaque famille de séquences (profils HMM construits par recherche itérative de similarité profil vs. séquence dans la base Uniprot) nous ont permis de noter les gènes de ces familles au sein de 1625 génomes bactériens complets correspondant à 23 phyla : au sein des 866 génomes comportant au moins un gène de ces familles, nous avons identifié 763 gènes de la famille PhoA, 433 PhoD et 436 PhoX. Leur analyse a révélé plusieurs éléments : ces familles sont multi-géniques et non homologues (convergence fonctionnelle) ; ces différentes familles de gènes peuvent être présentes au sein d'un même génome (observation fréquente mais non obligatoire); la localisation cellulaire prédite pour les protéines correspondantes est majoritairement périplasmique ou extracellulaire. L'analyse *in silico* des séquences génomiques en amont des gènes ainsi annotés nous a permis de faire des hypothèses concernant leur mode de régulation transcriptionnelle. A partir de ces données de séquences, des phosphatases des trois familles ont été sélectionnées, clonées et exprimées de façon hétérologue chez *E. coli* ; leurs propriétés biochimiques (activités enzymatiques, substrats, cofacteurs) ont été caractérisées expérimentalement, de même que la capacité biominéralisatrice des souches d'*E. coli* les surexprimant. Ces résultats seront complétés par l'annotation et l'analyse de données métagénomiques et géochimiques provenant d'environnements de formation actuelle de phosphorites. Ces travaux sont soutenus par le programme INTERRVIE (Interactions Terre/Vie, CNRS INSU).

Références bibliographiques

[1] Pasek M.A. (2008) Rethinking early Earth phosphorus geochemistry. *PNAS*, 105(3): 853-858. [2] Benzerara K., Menguy N., Guyot F., Skouri F., De Luca G., Barakat M., Heulin T. (2004) Biologically controlled precipitation of calcium phosphate by *Ramlibacter tataouinensis*. *Earth Planet. Sc. Lett.*, 228:439-449. [3] Kathuria S., Martiny A.C. (2011) Prevalence of a calcium-based alkaline phosphatase associated with the marine cyanobacterium *Prochlorococcus* and other ocean bacteria. *Env. Microbiol.*, 13(1):74-83. [4] Luo H., Benner R., Long R.A., Hu J. (2009) Subcellular localization of marine bacterial alkaline phosphatases. *PNAS*, 106(50):21219-21223.

Mots-clés

Phosphatases alcalines microbiennes, annotation, génomes complets, biominéralisation, convergence fonctionnelle

CHEMOSENSORY MULTIGENE-FAMILY EVOLUTION AND SPECIATION IN THE PEA APHID (*ACYRTHOSIPHON PISUM*)

Poster n°40

Auteurs

Ludovic Duvaux

Liste complète des auteurs – Affiliations

Ludovic Duvaux^{1*}, Quentin Geissmann¹, Carole Smadja², Julia Ferrari³, Jing-Jiang Zhou⁴ & Roger K. Butlin¹. University of Sheffield, Western Bank, Sheffield S10 2TN, UK.². Université de Montpellier 2, Institut des Sciences de l'Évolution, Montpellier, FR.³. University of York, Department of Biology, Wentworth Way, York YO10 5DD, UK.⁴. Rothamsted Research, West Common, Harpenden AL5 2JQ, UK.

* l.duvaux@sheffield.ac.uk (+441142220112)

Résumé

Within and between species, multigene families (MF) are known to be highly diverse in terms of both Copy Number Variation (CNV) and allelic diversity. Accordingly, within and between population diversities of MF have a strong potential to result from, or to fuel, local adaptation – and possibly speciation. However, these diversities have seldom been contrasted and their relative evolutionary dynamics remain poorly understood. The host-plant races of the pea aphid provide an excellent system to understand these dynamics in the context of speciation with gene flow. Notably, Chemosensory MF (CMF) – e.g. Olfactory Receptors (OR), Gustatory Receptors (GR), Odorant Binding Proteins (OBP) – are critically important for specific host plant recognition, i.e. putatively a main cause of reproductive isolation. We sequenced 120 individuals from 8 races using a target enrichment protocol and Solexa sequencing – guaranteeing a median coverage of 150X. In doing so, we assessed CNV and nucleotidic diversity at about 3000 exons (from CMF, other MF and control genes) and 650 promoters of CMF genes. Preliminary results show CNV is widespread, as it occurs in 65% of all exons (even surprisingly up to 57% for control exons). As with SNPs in single copy genes, most CNV in non CMF genes is shared among races. In contrast, for targets linked to chemosensory genes – notably GR exons and promoters – CNV tends to structure by race. Also, the rate of duplication appears higher for CMF: OR, OBP and promoters show significantly more CNV than other MF. Together, these results suggest that many CMF genes may evolve under positive selection and contribute to adaptation to host plants. In order to better understand the genetic basis of adaptation, work is ongoing to link patterns of CNV (i) to the history of gene flow between races; and (ii) to observed differences in gene expression within and between races across native and non-native host plants.

Mots-clés

Copy number variation, chemosensory genes, speciation, pea aphid, capture sequencing

ETUDE DE LA DIVERSITE DES ARCHEES ET DES BACTERIES DU SYSTEME HYDROTHERMAL ALCALIN SOUS-MARIN DE LA BAIE DE PRONY (NOUVELLE CALEDONIE) PAR PYROSEQUENÇAGE DU GENE CODANT POUR L'ARNR16S

Poster n°41

Auteur

Gaël Erauso

Liste complète des auteurs - Affiliations

BES Méline¹, TAIB Najwa², POSTEC Anne¹, QUEMENEUR Marianne¹, MEI Nan¹, DEBROAS Didier², ERAUSO Gaël¹.

Résumé

L'hydrothermalisme de Prony se caractérise par des cheminées hydrothermales pouvant atteindre plusieurs dizaines de mètres de haut, constituées essentiellement de carbonates de calcium et d'hydroxydes de magnésium, émettant un fluide anoxique, riche en hydrogène et méthane, à pH alcalin (9-11) et température modérée (30-40°C) produit par des réactions géochimiques lors du processus dit de serpentinitisation [1]. Ce type d'hydrothermalisme est original puisqu'il n'a d'équivalent connu que celui du fameux site de «Lost City», découvert par 800 m de fond en bordure; la ride médio-Atlantique [2]. Les analyses moléculaires (séquençage/pyroséquençage et qPCR), ciblant les gènes codant l'ARNr 16S; et des gènes fonctionnels *mcrA* et *dsrB*, réalisées sur des échantillons de cheminées et de fluides ont dévoilé des communautés archéennes, peu diversifiées, dominées par des Methanosarcinales proches de celles retrouvées à Lost City (LCMS) [3,4] ou issues d'eaux souterraines ultrabasiques associées à la serpentinitisation (The Cedars, Californie) [5] ce qui souligne le caractère original de l'hydrothermalisme à Prony à mi-chemin entre un système continental et un système purement marin. Les communautés bactériennes, plus abondantes et plus diverses, se sont révélées différentes de celles rencontrées à Lost City, mais apparentées à celles issues d'environnements subterrestres liés à la serpentinitisation. Elles sont composées majoritairement de Chlorofexi, Proteobacteria, Firmicutes et Deinococcus-Thermus avec de nombreux phylotypes représentant des lignées d'incultivés déjà reportées dans des systèmes hydrothermaux ou entièrement nouveaux ce qui souligne le caractère original de l'écosystème de Prony. Ces communautés procaryotiques pourraient être impliquées dans les cycles du soufre, de l'hydrogène et du méthane et leur composition change par conséquent en fonction de la profondeur des cheminées et de la composition physico-chimique du fluide (ex: salinité, Eh). L'ensemble de ces résultats montre que cet écosystème hydrothermal, où la lumière peut être source d'énergie, est potentiellement basé sur la chimiosynthèse.

Références bibliographiques

1. Launey J, Fontes J-C (1985) Les sources thermales de Prony (Nouvelle-Caledonie) et leurs précipités chimiques. Exemple de formation de brucite primaire. Géologie de la France 1: 83-100.
2. Kelley DS, Karson JA, Fruh-Green GL, Yoerger DR, Shank TM, et al. (2005) A serpentinite-hosted ecosystem: the Lost City hydrothermal field. Science 307: 1428-1434.
3. Brazelton WJ, Schrenk MO, Kelley DS, Baross JA (2006) Methane- and sulfur-metabolizing microbial communities dominate the Lost City hydrothermal field ecosystem. Appl Environ Microbiol 72 : 6257-6270.
4. Brazelton WJ, Ludwig KA, Sogin ML, Andreishcheva EN, Kelley DS, et al. (2010) Archaea and bacteria with surprising microdiversity show shifts in dominance over 1,000-year time scales in hydrothermal chimneys. Proc Natl Acad Sci U S A 107: 1612-1617.
5. Suzuki S, Ishii Si, Wu A, Cheung A, Tenney A, et al. (2013) Microbial diversity in The Cedars, an ultrabasic, ultrareducing, and low salinity serpentinitizing ecosystem. Proceedings of the National Academy of Sciences.

Mots-clés

Ecologie microbienne, Pyroséquençage, Ecosystème hydrothermal, Serpentinitisation

IS MICROBIAL DIVERSITY OF BOVINE MAMMARY ECOSYSTEM CORRELATED TO MASTITIS SUSCEPTIBILITY?

Poster n°42

Auteur

Sergine Even

Liste complète des auteurs - Affiliations

S. Even 1,2, H. Falentin 1,2, D. Bouchard 1,2, L. Rault 1,2, J. Lassalas 3,4, P-G Marnet 3,4, Y. Le Loir 1,2

1 INRA, UMR1253, Science et Technologie du Lait et de l'Œuf, Rennes, France

2 AGROCAMPUS OUEST, UMR1253, Science et Technologie du Lait et de l'Œuf, Rennes, France

3 AGROCAMPUS OUEST, PEGASE UMR1080, F-35000 Rennes, France 4 INRA, PEGASE UMR1080, F-35590 St Gilles, France

Résumé

Inflammation and infection of bovine mammary glands, commonly known as mastitis, cause significant losses in the milk industry worldwide. To date, antibiotic treatment is the most common method to treat bovine mastitis. However it has a low cure rate during lactation for many mastitis pathogens, frequently resulting in chronic and recurrent infections. Our group explores new strategies to fight against mastitis. In the recent years, the concept of biological control has emerged as an interesting and sustainable alternative to antibiotics. The MEUH project (Milk Ecosystem and Udder Health) aims at describing bovine mammary microbiota in relation to mastitis sensitivity in cows. Cows were grouped according to their sanitary status over the past 3 years, as defined upon somatic cell counts in milk and clinical examinations. Three groups were defined: healthy, clinical mastitis sensitive, and subclinical mastitis sensitive cows. Samples (foremilk and swab) corresponding to the teat canal microbiota were collected on eight cows for each group. These samples are subjected to metagenomic pyrosequencing of bacterial 16S rRNA genes (ongoing, plateforme GEF, Rennes). We also plan to include a functional characterization of the bovine mammary microbiota through Illumina sequencing. Expected results include i) the determination of the composition of mammary microbiota according to the sanitary status (identification and proportion of each OTU), ii) the definition of a balanced versus unbalanced microbiota, and ;iii) the identification of marker species and functions correlated to mastitis susceptibility. These marker species will be further evaluated as candidates for the development of bovine mammary probiotics. The project MEUH is funded by INRA MEM program.

Mots-clés

Bovine mammary microbiota mastitis

LARGE-SCALE GENOTYPING BY NEXT GENERATION SEQUENCING: HOW TO OVERCOME THE CHALLENGES TO OBTAIN RELIABLE GENOTYPES AT THE INDIVIDUAL LEVEL?

Poster n°43

Auteur

Mariona Ferrandiz-Rovira

Liste complète des auteurs - Affiliations

Mariona Ferrandiz-Rovira^{1,2}, Dominique Allain¹, Thomas Bigot¹, Marie-Pierre Callait-Cardinal^{1,2}, Jacek Radwan³;and Aurélie Cohas¹

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

² Univ Lyon, VetAgro Sup Campus Vet, F-69280 Marcy L'étoile, France.³Institute of Environmental Sciences, Jagiellonian University, Krakow, Poland.

Résumé

The major histocompatibility complex (MHC) is an important functional complex of genes of vertebrates due to its key role on parasite resistance and potentially on mate choice and individual recognition. However, studying the different roles of MHC in wild vertebrates requires reliable genotyping of large numbers of individuals. Recent developments of next-generation sequencing techniques allow for such large-scale sequencing, but an improvement of post-processing data treatment is required to correct for sequencing errors. Here, we develop a methodology of 454 post-processing for genotyping four previously described MHC loci belonging to MHC class I and class II (Mama-UB, Mama-UD, Mama-DRB1 and Mama-DRB2) in Alpine marmots (*Marmota marmota*). Despite the fact that the cost-effective methodology adopted led to a relatively low amplicon coverage, our 454 post-processing methodology allowed to increase the number of retained reads by (1) reducing the number of bp locus-specific primers to retain large number of obtained FASTA reads and (2) assigning reads with insertions, deletions or both, usually considered as 454 sequencing errors, to previously identified alleles. The quality of the genotype assignment was further assessed through different validation procedures by (1) genotyping between 2 and 5 independent amplicons from 30 individuals through 454 sequencing; (2) comparing genotypes obtained by 454 and Sanger sequencing for 36 genotypes. Sanger sequencing also allowed to complete the dataset for ungenotyped individuals after 454 post-processing steps; and (3) comparing the consistency of 998 obtained genotypes from mother-father-offspring triads. These triads were previously determined through microsatellite sequencing and the corresponding paternity analysis. The error rate associated with the 454 post-processing steps proposed led to an error rate of 0.6%. Moreover, by combining both 454 and Sanger sequencing, large number of genotypes could be obtained (2,944 MHC genotypes within the four MHC sequenced loci for 967 Alpine marmots). We finally discuss the efficiency of combining sequencing techniques such as 454 and Sanger in the light of the balance between the costs and benefits of each technique. The proposed methodology and validation procedure could be applied to any organism, although validation is especially suitable when parentage information is already available. Our results emphasize the potential of 454 sequencing, combined with 454 post-processing and alternative sequencing techniques, to obtain large-scale sequenced individuals which could improve research on MHC evolution as well as on the evolution of other highly polymorphic functional genes.

Mots-clés

Major histocompatibility complex, 454 sequencing, Sanger sequencing, microsatellites, parentage relationships, non-model species, Alpine marmot, *Marmota marmota*.

LONG-TERM SURVIVAL OF PROPIONIBACTERIUM FREUDENREICHII: ADAPTATION TO THE ENVIRONMENT

Poster n°44

Auteur

Flavia Figueira Aburjaile

Liste complète des auteurs - Affiliations

Flavia Aburjaile*, Vasco Azevedo, Hélène Falentin, Yves Le Loir

Résumé

Actinobacteria are Gram-positive bacteria and are known for their ability to adapt to different environmental conditions. Belonging to this group, Propionibacterium are responsible for holes and aroma production in cheese and for probiotic activity. They showed a high rate of survival in a culture medium (YEL). Studies were monitored through the optical density, CFU and microscopy (live/dead). The survival is strain dependent and the strain CIRM 138 is chosen, because it has the highest survival rate. Population is around 10⁹ CFU/ml in exponential phase and they maintained a high population density above 10⁸ CFU/ml, 11 days after the inoculation, without addition of any nutrient. These results show the ability of the bacterium to adapt to different conditions at each stage, even without nutrient available. The bacterial growth curve shows the division into four stages of growth, such as: exponential, stationary phase, death phase and long-term stationary phase. 21 strains of Propionibacterium freudenreichii, have been sequenced on a Illumina platform. Through the comparative genomics and transcriptomics data obtained by RNA-seq on CIRM 138 methodology, we seek understanding of the physiology that allows bacterial long-term survival, according to the genes expressed at different phases.

Mots-clés

Propionibacterium, long-term survival, adaptation

BANQUES FRACTIONNEES D'ADNC ENVIRONNEMENTAUX EUCARYOTES CONSTRUITES A PARTIR DE FAIBLES QUANTITES D'ARN ISSUS DE L'ENVIRONNEMENT

Poster n°45

Auteur

Laurence Fraissinet-Tachet

Liste complète des auteurs - Affiliations

Laurence FRAISSINET-TACHET, Rajiv YADAV, Florian BARBI, Antoine ZILLER, Patricia LUIS, SudhakarREDDY, Roland MARMEISSE

UMR 5557 ECOLOGIE MICROBIENNE UCBL1 LYON FRANCE THAPAR UNIVERSITY, PATIALA, INDE

Résumé

Un des objectifs majeurs de la génomique environnementale est d'apprécier la contribution des espèces microbiennes noncultivables aux processus écologiques majeurs. Un autre thème est l'accès à et l'exploitation biotechnologique de cette diversité génique riche encore mal explorée. La métatranscriptomique fonctionnelle a déjà été éprouvée comme un outil puissant pour la découverte de nouveaux gènes. Comme dans d'autres domaines de la biologie moléculaire, l'obtention de banques d-Nc enrichies en ADNc complets a toujours été l'une des tâches les plus difficiles. En raison de l'efficacité limitée de la transcriptase inverse, de nombreux ARNm sont rétro-transcrits en ADNc tronqués de petite taille et ces ADNc sont préférentiellement clonés diminuant ainsi la qualité des banques. La construction de banques d'ADNc eucaryotes environnementales est une tâche encore plus difficile parce qu'une très faible quantité d'ARNm eucaryotes est présente dans les échantillons d'ARN totaux dominés par les ARN d'origine bactérienne. Diverses méthodes de construction de banques qui permettent un enrichissement en ADNc pleines longueurs ont déjà été proposées mais elles nécessitent de nombreuses étapes successives. Le fractionnement des ADNc sur la base de leur taille peut être appliqué pour éviter ce problème. Nous avons développé une méthode facile de synthèse et de fractionnement d'ADNc eucaryotes à partir d'une quantité limitée d'ARN total extrait directement de sol. Nous avons synthétisé, fractionné et cloné avec succès des ADNc eucaryotes à partir de trois sols ayant des propriétés et origines géographiques distinctes. Cette technique peut également être appliquée à des études exigeant le clonage d-Nc de tailles spécifiques. Ces résultats montrent le fort potentiel de cette technique en métatranscriptomique fonctionnelle.

Mots-clés

Metatranscriptomique fonctionnelle, banque fractionnée

DEVELOPMENT OF A METAGENOMIC APPROACH TO TARGET GENES FROM A SPECIFIC GENOMIC REGION IN MARINE SYNECHOCOCCUS: APPLICATION TO A REGION INVOLVED IN LIGHT HARVESTING

Poster n°46

Auteur

Laurence Garczarek

Liste complète des auteurs - Affiliations

Florian Humily¹, Dominique Marie¹, Gregory K. Farrant¹, Frédéric Partensky¹, Sophie Mazard², Morgan Perennou³, Karine Labadie⁴, Jean-Marc Aury⁴, Patrick Wincker⁴, David J. Scanlan² and Laurence Garczarek¹

1 Station Biologique (CNRS and UPMC), UMR7144, Oceanic Plankton group, Marine Phototrophic Prokaryotes team, Place Georges Teissier, CS 90074, 29688 Roscoff cedex, France

2 University of Warwick, School of Life Sciences, Gibbet Hill Road, Coventry CV4 7AL, UK.

3 CNRS, FR2424, Service Information et Génomique, Station Biologique, 29688 Roscoff cedex, France

4 Commissariat à l'Énergie Atomique, Institut de Génomique/Genoscope, 91000 Evry, France

Résumé

In recent years, major breakthroughs have been achieved in our understanding of the composition and dynamics of microbial communities thanks to the development of high throughput sequencing technologies that have been applied to a variety of environments, including marine ecosystems [1]. However, such metagenomics approaches often failed to relate the genetic diversity of specific microbes to their ecological functions, especially in complex environments. Here, we developed a metagenomic pipeline to target a suite of genes from any genomic region of *Synechococcus*, one of the most abundant photosynthetic prokaryotes of the ocean [2, 3]. It combines flow cytometry cell sorting of a few *Synechococcus* cells, whole genome amplification (WGA) and fosmid library construction [4]. Since this approach is not devoid of biases inherent to these methods, we evaluated their effects at each step of the procedure by following both the genetic composition of the *Synechococcus* community and the relative abundance of contaminant heterotrophic bacteria by T-RFLP analyses and/or pyrosequencing. This method was successfully applied to a natural sample collected off Roscoff (Brittany, France), a representative coastal site of the English Channel, which was used to explore the diversity of a highly variable gene island involved in the biosynthesis and regulation of *Synechococcus* light harvesting complexes [5]. It notably allowed us to observe for the first time the presence of population able to change their pigmentation depending of the ambient light color (chromatic adapters) in a natural sample.

Références bibliographiques

[1] Gilbert JA & Dupont CL (2011) Microbial metagenomics: beyond the genome. *Ann. Rev. Mar. Sci.* 3: 347-371. [2] Scanlan, D. J., M. Ostrowski, S. Mazard, A. Dufresne, L. Garczarek, W. R. Hess, A. F. Post, M. Hagemann, I. Paulsen and F. Partensky (2009). Ecological genomics of marine picocyanobacteria. *Microbiol Mol Biol Rev* 73: 249-99. [3] Dufresne, A., M. Ostrowski, D. J. Scanlan, L. Garczarek, S. Mazard, B. P. Palenik, I. T. Paulsen, N. T. de Marsac, P. Wincker, C. Dossat, S. Ferriera, J. Johnson, A. F. Post, W. R. Hess and F. Partensky (2008). Unraveling the genomic mosaic of a ubiquitous genus of marine cyanobacteria. *Genome Biol* 9: R90. [4] Humily F, Marie D, Farrant G, et al. (submitted) Use of a targeted metagenomic approach to study in situ diversity of a genomic region involved in light harvesting in marine *Synechococcus*. Submitted to *FEMS Microbial Ecology*. [5] Six, C., J. C. Thomas, L. Garczarek, M. Ostrowski, A. Dufresne, N. Blot, D. J. Scanlan and F. Partensky (2007). Diversity and evolution of phycobilisomes in marine *Synechococcus* spp.: a comparative genomics study. *Genome Biol* 8: R259.

Mots-clés

Metagenomics; whole genome amplification; flow cytometry cell sorting; fosmid library; marine cyanobacteria; phycobilisomes

DECOUVERTE DE NOUVEAUX VIRUS A PARTIR DE TRANSCRIPTOMES HAUT DEBIT D'ANIMAUX NON MODELES

Poster n°47

Auteur

Philippe Gayral

Liste complète des auteurs - Affiliations

Diane Bigot¹, Marion Ballenghien², Vincent Cahais², Nicolas Galtier², Philippe Gayral¹

¹: Institut de Recherches sur la Biologie de l'Insecte, CNRS UMR 7261, Université François-Rabelais, 37200 Tours, France², Université Montpellier

²: CNRS UMR 5554, Institut des Sciences de l'évolution de Montpellier, Place E. Bataillon, 34095 Montpellier, France

Résumé

Les nouvelles technologies de séquençage (NGS) permettent actuellement d'avoir accès au génome de nombreuses espèces. Cette étude utilise des transcriptomes individuels d'animaux non modèles balayant la diversité des métazoaires afin d'étudier la présence virale; des gènes ou des génomes entiers. 114 espèces réparties en 33 groupes phylogénétiques ont été analysées soit un total de 441 transcriptomes individuels. Afin de détecter la présence de virus, nous avons tout d'abord réalisé des assemblages de novo des reads Illumina et prédit les cadres ouverts de lectures. L'annotation protéique a été réalisée par des recherches d'homologies de séquence et de structure sur la base de profils HMM (HHBlit). La taxonomie des ORFs a ensuite été assignée à partir des informations des bases de données taxonomiques du NCBI. Cette seconde étape a été menée à bien pour cinq groupes taxonomiques représentant 91 transcriptomes, parmi lesquels des termites (*Reticulitermes*), des moustiques (*Culex*), des fourmis (*Messor*), des crustacés (*Artemia*) ainsi que des vers marins (*Pectinaria*). Nos résultats mettent en évidence la présence dans tous les transcriptomes de nombreux gènes homologues à des virus à ADN double brin principalement, probablement impliqués dans des transferts latéraux entre les hôtes et leurs virus. Ces résultats suggèrent cependant que ces ORF n'ont pas forcément une origine virale, ce qui peut nous alerter sur les l'interprétation excessive des données de génomique/transcriptomique sur l'origine des EVE (endogenous viral elements). L'assemblage de novo couplé au mapping des reads sur des génomes viraux proches a par ailleurs permis de décrire des génomes viraux complets appartenant à 9 familles, en majorité des petits virus à ARN. L'analyse phylogénétique de trois d'entre eux révèle trois nouveaux virus de fourmis : un virus proche du Lake Sinai virus, un nouveau genre viral proche des Partitiviridae et également un putatif Gammaretrovirus habituellement trouvé chez les vertébrés.

Mots-clés

Transcriptomique, Méta-viromique, nouveaux virus

METAGENOMIQUE A PARTIR DE TRANSCRIPTOMES : ETUDE COMPARATIVE DES COMMUNAUTES MICROBIENNES CHEZ LE TERMITE

Poster n°48

Auteur

Philippe Gayral

Liste complète des auteurs - Affiliations

Franck Dedeine¹, Lucy A. Weinert^{2,3}, Marion Ballenghien², Vincent Cahais², Nicolas Galtier² and Philippe Gayral¹

¹ Institut de Recherches sur la Biologie de l'Insecte, CNRS UMR 7261, Université François-Rabelais, 37200 Tours, France² Université Montpellier

² CNRS UMR 5554, Institut des Sciences de l'évolution de Montpellier, Place E. Bataillon, 34095 Montpellier, France³

Present Adress: University of Cambridge, Department of Veterinary Medicine, Madingley Road, Cambridge, CB3 0ES, United Kingdom

Résumé

Les termites sont des insectes sociaux (Isoptera) rencontrés dans de nombreuses régions du globe. Contrairement à la plupart des insectes, les termites sont capables de se nourrir exclusivement (ou quasi-exclusivement) de bois, en dégradant de manière efficace les fibres de lignocellulose. Les termites constituent donc un modèle biologique d'intérêt : ils jouent d'une part un rôle majeur dans les écosystèmes en recyclant des nutriments, mais sont d'autre part un problème économique pour l'homme car ils endommagent les constructions. Cette capacité accrue pour dégrader le bois provient d'une association symbiotique complexe qu'entretiennent les termites avec de très nombreux microorganismes contenus dans leur intestin postérieur. Ces microorganismes constituent de véritables communautés, lesquelles se composent d'eucaryotes unicellulaires (divers protistes), de nombreuses lignées de bactéries et, dans une moindre mesure, d'archaea. L'objectif de cette étude est de décrire les gènes eucaryotes et procaryotes de cette communauté par une approche de transcriptomique haut-débit. Nous avons obtenu et comparé le transcriptome de 13 individus appartenant à 3 espèces de termite du genre *Reticulitermes* (*Rhinotermitidae*). Je présenterai tout d'abord les résultats d'assemblage, d'annotation fonctionnelle et d'assignation taxonomique par Blast des transcrits eucaryotes (termites et protistes) ayant permis cette étude. Je présenterai ensuite les résultats de quantification de la diversité bactérienne estimée sur la base des séquences des ARN ribosomiaux, à l'échelle inter et intraspécifique du point de vue des hôtes. Je présenterai enfin les résultats concernant une possible redondance fonctionnelle des gènes impliqués dans les fonctions adaptatives liées à la digestion du bois.

Mots-clés

Métagénomique comparative, Transcriptome, communautés microbiennes

MOLECULAR AND ECOLOGICAL EVIDENCES FOR EXISTENCE OF TWO CRYPTIC SPECIES IN THE BROWN ALGAL PYLAIELLA LITTORALIS COMPLEX

Poster n°49

Auteur

Alexandre Geoffroy

Liste complète des auteurs - Affiliations

Alexandre Geoffroy^{1, 2}, Line Le Gall², Stéphane Mauger¹, Myriam Valero¹ and Christophe Destombe¹,
1 CNRS; UPMC Univ Paris 06, UMR 7144, Équipe "BEDIM", Station Biologique de Roscoff, Place Georges
Teissier, F-29682 Roscoff Cedex, France.

2 Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN), UMR 7138, Systématique, Adaptation et Evolution, 57
rue Cuvier, CP 39, 75231 Paris Cedex 05, France

Résumé

During the last century, many authors have described many species, varieties or forms in the genus of *Pylaiella* according to their morphology, their life history and/or their ecology, nevertheless no clear consensus have been reached. In the present study, we investigated the diversity of *Pylaiella littoralis* along the Brittany coast using a DNA barcoding multilocus approach with nuclear, mitochondria and chloroplast markers. Spatio-temporal sampling was conducted to detect genetic variations among populations as well as possible phenological difference between populations. We sampled 180 individuals from 8 sites located along the Brittany coast between Saint-Malo and Quiberon (450km) from march to october. Our results highlighted the occurrence of two genetic entities based on mitochondrial sequences showing a minimum of 2.2% divergence between them. Instead the analysis of chloroplast and nuclear sequences revealed a single group (haplotypic divergence ranging from 0 to 0.7% and 0 to 0.47% respectively) which may reflect ancestral genotypes corresponding to a recent differentiation of the two entities. The geographical clustering pattern based on microsatellites revealed a high genetic differentiation between the two entities and among populations within each entity. These two entities were found in the same environment; however their growths were shifted in time according to season. This phenological shift provides an ideal framework for exploring questions concerning adaptive divergence. Occurrence of putative hybrids was discussed.

Mots-clés

Pylaiella littoralis, multilocus barcoding, cryptic species, microsatellites, Phaeophyceae.

CARACTERISATION DES RESEAUX MYCORHIZENS ENTRE COLOCASIA ESCULENTA ET PTEROCARPUS OFFICINALIS DANS DES AGROFORETS HUMIDES DE GUADELOUPE

Poster n°50

Auteur

Alexandre Geoffroy

Liste complète des auteurs - Affiliations

Alexandre Geoffroy 1,2, Hervé Sanguin 1, Antoine Galiana 1, Amadou Bâ 1,2

1 Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, UMR113 – INRA/AGROM/ CIRAD/IRD/UM2 – TA10/J, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

2 Laboratoire de Biologie et Physiologie Végétales, Faculté des Sciences Exactes et Naturelles, Université des Antilles et de la Guyane, BP 592, 97159 Pointe-à-Pitre, Guadeloupe, France.

Résumé

Les paysans guadeloupéens cultivent traditionnellement du madère (*Colocasia esculenta*) à l'ombre des peuplements de *Pterocarpus officinalis* en forêt marécageuse. Contrairement aux cultures en prairie, cette culture en sous-bois est conduite sans utilisation d'engrais et de pesticides, n'entraînant aucune perte de biodiversité (floristique, faunistique et microbienne) et garantissant un système de culture durable. Plusieurs hypothèses sont avancées pour expliquer l'effet bénéfique de *P. officinalis* sur le madère. La modification du régime lumineux par les *Pterocarpus* changerait le microclimat en augmentant l'hygrométrie et en réduisant les températures. D'autre part, dans les sols souvent inondés, l'hypoxie empêche la décomposition de la matière organique et provoque des pertes d'azote par lessivage et dénitrification. Par son aptitude à fixer l'azote de l'air, *P. officinalis* pourrait enrichir le sol marécageux en azote. De plus, la symbiose mycorhizienne joue un rôle majeur dans la nutrition minérale des plantes dans les écosystèmes forestiers et particulièrement dans les forêts tropicales humides où le phosphore est souvent présent en faible quantité dans les sols. L'étude de la structure des réseaux mycorhiziens à arbuscules devrait permettre de mieux comprendre leur rôle dans les processus de facilitation, soit par le partage d'une même communauté mycorhizienne entre différentes plantes (ie. *Pterocarpus*/madère) et donc l'échange d'éléments nutritifs essentiels, soit par l'existence de communautés distinctes permettant un partage des ressources nutritives. Afin de comprendre les mécanismes impliqués dans le maintien de ce système cultural écologiquement durable, l'analyse de la composition des cortèges mycorhiziens des deux plantes a été réalisée sur deux sites en Guadeloupe. L'observation microscopique de racines de *Pterocarpus* et de madère a révélé plusieurs structures caractéristiques des mycorhizes à arbuscules confirmant la colonisation des racines. De plus, l'extraction de spores à partir de sol a permis pour la première fois de révéler une diversité importante de spores dans ces sols marécageux. Enfin la composition des cortèges mycorhiziens a été caractérisée par une approche de pyroséquençage (GS-FLX+) sur la région 18S de l'ADNr (210000 séquences). La meilleure caractérisation de la diversité des cortèges mycorhiziens ainsi obtenue et la mise en évidence de réseaux mycorhiziens, entre *P. officinalis* et le madère et à différents stades de développement de l'arbre, permettent d'aborder les questions de compétition et de transfert de nutriments entre ces plantes. Ces travaux devraient aider à proposer des recommandations en termes de gestion des cortèges mycorhiziens pour améliorer la production de madère sous couvert de *Pterocarpus* et restaurer des forêts tropicales humides dégradées.

Mots-clés

Réseaux mycorhiziens, NGS, *Pterocarpus officinalis*, *Colocasia esculenta*, agroforêts, diversité, Guadeloupe

GENOMICS AND DIVERSITY OF BACTERIA DEGRADING POLYSACCHARIDES FROM MARINE MACROALGAE

Poster n°51

Auteur

Angélique Gobet

Liste complète des auteurs - Affiliations

Angélique Gobet, Tristan Barbeyrona, Catherine Leblanca, Sylvain Huchetteb, Sabine Rousselc, Eric Duchaud and Gurvan Michela

a : Station Biologique de Roscoff, UMR 7139 (CNRS-UPMC), Roscoff

b : France Haliotis, Plouguerneau,

c : LEMAR, UMR 6539, IUEM, Plouzanéd INRA, Laboratoire de Virologie et Immunité Moléculaire, Jouy-en-Josas

Résumé

Marine macroalgae are complex multicellular photosynthetic organisms, evolutionary distinct from land plants, and constitute a large primary biomass in coastal ecosystems. About half of the algal tissues are composed of polysaccharides that can be found either as carbon storage or cell wall compounds[1]. The great diversity of polysaccharides offers a large choice of carbon sources for bacteria to grow on. Despite a recent availability of numerous marine bacterial genomes, there is still little knowledge on the way macroalgal polysaccharides are degraded by bacteria. However, the characterization of some carbohydrate active enzymes and the genome of a marine bacteria model, *Zobellia galactanivorans*, allowed deeper insights into the mechanisms of degradation of sulfated polysaccharides from marine algae[2]. To complement the current knowledge on algal polysaccharide degradation by marine bacteria, comparative genomics of selected bacterial strains are applied (e.g. additional *Zobellia* species, *Mariniflexile fucanivorans*, some Gammaproteobacteria), by focusing on carbohydrate active enzymes. In parallel, a catabolic profiling is carried out to screen for bacterial growth of the selected strains on more than 40 carbon sources. Additionally, the microbiota diversity from abalones fed with several types of macroalgae over a year will be compared to identify potentially new specific bacterial taxa associated to the degradation of algae during herbivore digestion. Such multidisciplinary strategy should lead to a better understanding of the catabolism of algal polysaccharides as well as the discovery of new groups involved in this mechanism.

Références bibliographiques

[1] Michel et al, (2010 a & b) *New Phytol*; Popper et al, (2011) *Ann Rev Plant Biol*. [2] Hehemann et al, (2010) *Nature*; Rebuffet et al, (2011) *Env Microbio*; Thomas et al (2012) *Env Microbio*; Hehemann et al (2012) *J Biol Chem*; Thomas et al (2013) *J Biol Chem*.

Mots-clés

Macroalgal polysaccharides, carbohydrate active enzymes, abalone microbiota

COMPARATIVE AND FUNCTIONAL GENOMICS OF THE WOLBACHIA BACTERIA: TOWARDS THE INSIGHT OF ENDOSYMBIOSIS

Poster n°52

Auteur

Pierre Grève

Liste complète des auteurs - Affiliations

Sandrine Geniez^{1,2}, Bouziane Moumen², Jeremy Foster¹, Sanjay Kumar¹, Barton E. Slatko¹ and Pierre Grève²

¹ New England Biolabs, Inc. Ipswich MA 01938 USA

² University of Poitiers, UMR CNRS 7267 Ecologie et Biologie des Interactions, Equipe Ecologie, Evolution, Symbiose. 86022 Poitiers Cedex, France

email: pierre.greve@univ-poitiers.fr; sandrine.geniez@gmail.com

Résumé

Cross-strain genome studies are based on orthologs, genes present in different species that have only evolved through speciation events. Orthologs are known to have the same biological functions whereas duplication allows development of new functions. Identification of orthologs is a powerful tool of understanding the genealogy of genes and to investigate the mechanism of evolutionary process. These groups of genes with the same biological function are also an inestimable pool of information for functional analyses such as pathway comparison across species. Using Next Generation Sequencing technologies (Illumina HiSeq and MiSeq), we successfully sequenced 6 new strains of the bacterial endosymbiont Wolbachia that induce either feminization or cytoplasmic incompatibility in their arthropod hosts. These genomes as well as the 16 already published genomes were used for comparative genomics. On the basis of the orthologous database we generated using OrthoMCL, we divided these bacterial genomes into (1) the “core-genome”, containing genes shared by all strains, (2) the “dispensable-genome” composed by genes present in two or more but not all strains and finally (3) genes unique to single strains, all these categories representing the “pan-genome”. We investigated the composition of this pan-genome in order to look at the insight of the basis of Wolbachia symbiosis. Based on all the single-copy core-genes, a phylogenomy of the Wolbachia strains was inferred. To complement the database of putative bacterial effectors established from pan-genomic analyses, a conversed motif recognition approach using HMMER3 allow us to identify eukaryote-like proteins such as ankyrin repeats containing proteins that are known to be involved in host-symbiont interactions.

Mots-clés

Wolbachia, symbiosis, whole-genome sequencings, pan-genome, bacterial effectors, isopod crustaceans, nematodes

CONTRIBUTION DES SENS CHIMIQUES A L'ADAPTATION A L'ENVIRONNEMENT : UNE ETUDE TRANSCRIPTOMIQUE CHEZ LA NOCTUELLE SESAMIA NONAGRIOIDES (LEPIDOPTERA : NOCTUIDAE)

Poster n°53

Auteur

Myriam Harry

Liste complète des auteurs - Affiliations

Nicolas Glaser¹⁻², Aurore Gallot¹⁻³, Fabrice Legeai³, Myriam Harry⁴⁻⁵, Laure Kaiser-Arnault², Bruno Le Ru²⁻⁶, Paul-André Calatayud²⁻⁶, Emmanuelle Jacquin-Joly¹;

1 INRA, UMR 1272, Physiologie de l'Insecte: Signalisation et Communication, F-78026 Versailles cedex

2 IRD, UR 072, c/o CNRS, Laboratoire Evolution, Génomes et Spéciation, 91198 Gif-sur-Yvette cedex

3 IRISA, équipe GenScale, Campus universitaire de Beaulieu, F-35042 Rennes cedex

4 CNRS UPR9034, Laboratoire Evolution, Génomes et Spéciation, F-91198 Gif-sur-Yvette cedex

5 Université Paris-Sud 11, F-91405 Orsay cedex 6 IRD, UR 072, c/o ICIPE, NSBB Project, PO Box 30772-00100, Nairobi, Kenya;

Résumé

Les sens chimiques –olfaction et gustation - sont déterminants pour un insecte lors du choix de sa plante hôte. Des différences dans le nombre, les séquences ou le taux d'expression des gènes impliqués dans la reconnaissance des signaux chimiques (gènes chimiosensoriels) peuvent donc mener à l'adaptation à une nouvelle plante, comme par exemple une plante cultivée. Nous avons testé cette hypothèse sur un modèle Lépidoptère, la noctuelle foreuse de tiges *Sesamia nonagrioides*, en tirant profit de l'existence de deux populations trouvées en milieu naturel, l'une s'alimentant sur plante sauvage au Kenya, l'autre dérivant de la première population et inféodée au maïs en France. Notre étude s'est focalisée sur les effets génétiques (deux générations élevées au laboratoire après collecte) et sur la comparaison des taux d'expression des transcriptomes des deux populations. Dans une première étape, nous avons séquencé et annoté le transcriptome chimiosensoriel de *S. nonagrioides*. En particulier, nous avons identifié de novo 68 gènes candidats à la chimioréception chez cette espèce, dont 31 gènes codant pour des protéines de liaisons aux odorants et 23 gènes codant pour des récepteurs chimiosensoriels (Glaser et al., 2013). Dans une deuxième étape, nous avons utilisé une approche RNAseq associée à la bioinformatique pour comparer l'expression du transcriptome entre les deux populations de *S. nonagrioides*. Nous avons mis en évidence un grand nombre de gènes différentiellement exprimés, dont des gènes codant des protéines virales, des cytochromes P450 mais aussi des gènes chimiosensoriels impliqués dans les événements péri-récepteurs de la détection olfactive. Nos résultats suggèrent que les deux populations ont donc une sensibilité olfactive différente qui aurait pu contribuer à l'adaptation à un nouvel environnement chimique.

Références bibliographiques

Glaser, N. et al. 2013. International journal of biological sciences, 9(5), 481-495

Mots-clés

Gènes chimiosensoriels, Lépidoptère, *Sesamia*, transcriptome, adaptation

BIODIVERSITE DES PUNAISES AQUATIQUES DU CAMEROUN IMPLIQUEES DANS L'EMERGENCE DE MYCOBACTERIUM ULCERANS AGENT ETIOLOGIQUE DE L'ULCERE DE BURULI

Poster n°54

Auteur

Myriam Harry

Liste complète des auteurs - Affiliations

Solange MEYIN A EBONG1-2-7, Elsa PETIT2-3, Laurent MARSOLLIER4, Jean-François GUEGAN5, Philippe LE GALL6-7, Sara EYANGO1, Myriam HARRY2-3;

1 Service de Mycobactériologie, Centre Pasteur du Cameroun, Cameroun-Réseau International des Institut Pasteur, BP 1274, Yaoundé, Cameroun

2 CNRS UPR9034, Laboratoire Evolution, Génomes et Spéciation, LEGS, Gif-sur-Yvette, France

3 Université Paris-Sud 11, Orsay France

4 UMR 892, Inserm, Angers, France

5 UMR MIVEGEC IRD, CNRS, Universités de Montpellier, France;

6 IRD, UR 072, c/o CNRS, LEGS, Gif-sur-Yvette, France

7 IRD, UR 072, c/o IRD BP 1857 Yaoundé Cameroun

Résumé

L'ulcère de Buruli est une infection cutanée; due à *Mycobacterium ulcerans*. Cette maladie tropicale négligée constitue un réel problème de santé publique en Afrique. Au Cameroun, une augmentation spectaculaire du nombre de cas et l'apparition de nouveaux foyers ont entraîné une forte implication des acteurs de la santé publique dans la lutte contre l'ulcère de Buruli. Ainsi, depuis 2002 le Laboratoire National de Référence pour le Diagnostic de l'ulcère de Buruli, le Centre Pasteur du Cameroun, a entrepris un vaste programme pour mieux comprendre cette maladie de l'échelle écologique à l'échelle épidémiologique. Plusieurs études montrent que certaines punaises aquatiques peuvent héberger *M. ulcerans* (voir Portaels et al., 2008) et peuvent expérimentalement transmettre la bactérie (Marsollier et al., 2005, 2007). Cependant, les connaissances sur la biologie et la systématique des punaises aquatiques restent très peu documentées. L'objectif de cette étude est de faire un inventaire des punaises aquatiques dans les zones endémiques et non endémiques à l'ulcère de Buruli au Cameroun en utilisant une double approches morphologique et moléculaire de barcoding (COI, COII, 866pb, 102 séquences, projet BDV). L'échantillonnage a été réalisé dans 37 points de collecte dans deux zones endémiques (Akonolinga et Bankim) et 8 zones non-endémiques (Mbalmayo, Abong-Mbang, Garoua, Tibati, Ngaoundéré, Bamenda, Buéa et Santchou). 54 morphotypes ont été identifiés répartis dans 9 familles: Belostomatidae (8), Corixidae (3), Gerridae (10), Hydrometridae (4), Mesoveliidae (3), Naucoridae (4), Nepidae (5), Notonectidae (9), Veliidae (8). Quatre individus par morphotype ont fait l'objet d'une étude de barcoding (COI, COII, 866pb, 203 taxons). Les matrices de distances inter et intraspécifiques ont été calculées et les divergences entre séquences ont été visualisées par des dendrogrammes. Pour certaines familles (Belostomatidae, Mesoveliidae, Notonectidae), il existe une bonne congruence entre les morphotypes et les séquences alors que pour d'autres ce n'est pas le cas (Gerridae, Hydrometridae, Veliidae). De plus, pour certaines familles, la diversité moléculaire est plus importante que la diversité morphologique. Ce travail constitue la première base de données moléculaires pour des punaises aquatiques d'Afrique de l'Ouest.

Références bibliographiques

Portaels F. et al. 2008. PLoS neglected tropical diseases, 2(3), e178. Marsollier L. et al. ; 2005. Cellular Microbiology;7(7), 935–943 Marsollier L. et al., 2007. Cellular Microbiology 9(2), 347–355

Mots-clés

Ulcère de Buruli, Punaises aquatiques, Barcoding, BDV

IMPACT DE LA POLLUTION SUR L'IMMUNITE DE CAPITELLA SP. (ANNELIDA, POLYCHAETA): SEQUENÇAGE DE TRANSCRIPTOMES ET IDENTIFICATION DE GENES DIFFERENTIELLEMENT EXPRIMES

Poster n°55

Auteur

Stephane Hourdez

Liste complète des auteurs - Affiliations

Stephane Hourdez, Equipe Génétique de l'adaptation en Milieu Extrême, UMR7144, CNRS-UPMC, Station Biologique de Roscoff, 29680 Roscoff, France

Stéphanie Ferreira & Nathalie Adele-dit-De-Renseville GENOSCREEN, 1 rue du Professeur Calmette, 59000 Lille, France

Aurélié Tasiemski, Université de Lille1, Laboratoire GEPV, CNRS UMR8198, Groupe EMA (Ecoimmunology of Marine Annelids), 59655 Villeneuve d cq, France.

Résumé

L'annélide polychète *Capitella* est une espèce côtière de distribution très ubiquiste, modèle en écotoxicologie du fait de sa grande tolérance à la pollution. Ce ver marin s'élève facilement au laboratoire (temps de génération ~6-8 semaines), permettant une approche expérimentale, en plus des approches sur populations naturelles. Le génome d'une espèce proche de la côte Est des Etats Unis (*C. telata*) a été séquencé, pouvant servir de support à des analyses transcriptomiques. Lors de collectes effectuées à Roscoff (Finistère, France), nous avons observé que 15-30% des *Capitella* prélevées en zone portuaire polluée présentaient un développement microbien au niveau tégumentaire. Aucun microorganisme n'a été observé sur le corps des *Capitella* vivant dans un environnement non pollué. Cette colonisation implique une modification du système immunitaire devenu soit tolérant à la mise en place d'une épibiose microbienne, soit sensible au développement d'un pathogène qu'il ne parvient plus à éliminer. L'approche transcriptomique en RNAseq (une ligne Illumina 100 pb paired-end pour chaque condition) que nous avons menée vise à identifier et à quantifier les gènes immunitaires différentiellement exprimés entre :- une population de *Capitella* non exposées aux polluants- une population de *Capitella* exposées aux polluants, et non colonisées par des microorganismes- une population de *Capitella* exposées aux polluants, et colonisées par des microorganismes. Les ARNm ont été purifiés et le séquençage a produit entre 25 et 39 Gbases, avec un score de qualité moyen compris entre 29,1 et 30,8. Moins de 2% des séquences correspondent à de l'ARN ribosomal 28% (aucune séquence correspondant au 18S), démontrant une bonne élimination des ARN ribosomaux. Les données Illumina sont en cours d'assemblage (Trinity). Un transcriptome correspondant aux trois conditions sera assemblé comme référence et les gènes différentiellement exprimés entre les trois pools d'ARN seront identifiés (méthode DESeq sous Galaxy). Ces analyses sont en cours et l'état d'avancement sera présenté au colloque. Cette approche permettra d'obtenir des informations quant à l'impact in situ de la pollution sur l'immunité antimicrobienne d'organismes marins.

Mots-clés

Immunité, pollution, invertébrés

APPLICATION DE L'APPROCHE META-TRANSCRIPTOMIQUE POUR L'ETUDE FONCTIONNELLE DE L'ECOSYSTEME FROMAGER

Poster n°56

Auteur

Françoise Irlinger

Liste complète des auteurs - Affiliations

Cécile Strauba, Françoise Irlinger, Christophe Monneta, Djamilia Onésimeb, Sophie Landauda, Eric Dugat-Bonya, Dominique Swennenb, Séverine Layeca, Valentin Louxc, A.Teissandierd, Julie Aubertd, Eric Guédonb, Nicolas Ponse, Sean Kennedye, Jean-Marie Beckerichb, Pascal Bonnarme

a : INRA, AgroParis-Tech, UMR782 Génie et Microbiologie des Procédés Alimentaires, Thiverval-Grignon, France, UMR1319 Micalis, Thiverval-Grignon, France

b : INRA, UR1077 Mathématique, Informatique et Génome, Jouy-en-Josas, France

c : AgroParisTech/INRA MIA 518, Paris, France

d : Métagenopolis, Jouy-en-Josas, France

Résumé

L'écosystème fromager est composé d'association de micro-organismes qui, grâce à leurs propriétés génétiques et leurs activités au sein de la matrice, permet le bon déroulement du procédé de fabrication du fromage (acidification du caillé, désacidification et affinage). Un consortium simplifié composé de bactérie lactique (*Lactococcus lactis*), de trois levures (*Kluyveromyces lactis*, *Debaryomyces hansenii*, *Geotrichum candidum*) et de cinq bactéries d'affinage (*Arthrobacter arilaitensis*, *Hafnia alvei*, *Corynebacterium casei*, *Staphylococcus equorum*, *Brevibacterium aurantiacum*) a pu être identifié comme étant suffisant pour permettre la fabrication du fromage de type Livarot. L'intérêt de cet écosystème est multiple puisqu'il est constitué de micro-organismes cultivables, bien identifiés, et dont les génomes des principaux représentants ont été séquencés. De plus, il possède des propriétés dynamiques et fonctionnelles reproductibles, maîtrisables et quantifiables. Dans le cadre du projet ANR ExEco (programme ALIA 2010), des fromages modèles établis à partir de ce consortium ont été suivis au cours de cinétique d'affinage de 4 semaines (3 réplicats biologiques prélevés par semaine) en combinant des analyses physico-chimiques, des analyses de microbiologie classique et de méta-transcriptomique par RNA-Seq (séquençage SOLID). Les librairies ont été préparées à partir d'ARN total non déplétés, isolées directement à partir de fromage et la profondeur de séquençage était de 30 à 50 millions de reads/échantillon. L'analyse globale des données a permis de montrer une bonne répétabilité des résultats. 94 % des séquences obtenues proviennent des ARN ribosomiques et 4% correspondent à des ARN messagers. La majorité des reads est issue des organismes dominants eucaryotes. Cependant, l'évolution de certains transcrits au cours du temps, semble fortement liée à celle des principaux paramètres technologiques (exemple : *GDH2*, *AAT2*, impliqués dans le métabolisme des acides aminés chez *G. candidum* sont corrélés avec le degré de protéolyse). Ces analyses montrent ainsi à la fois la faisabilité et la pertinence de l'utilisation de l'approche méta-transcriptomique pour le suivi d'écosystèmes microbiens alimentaires.

Mots-clés

Analyses Métatranscriptomiques, Ecosystème fromager

PROTEOME EVOLUTION OF DEEP-SEA HYDROTHERMAL VENT ALVINELLID POLYCHAETES SUPPORTS ANCESTRY OF THERMOPHILY AND SUBSEQUENT ADAPTATION TO COLD

Poster n°57

Auteur

Didier Jollivet

Liste complète des auteurs - Affiliations

Didier JOLLIVET, Eric FONTANILLAS

Equipe GAME, UMR 7144, Station Biologique de Roscoff, Place Georges Teissier, 29680 Roscoff, France

Résumé

Adaptation to extreme environments and especially to high temperatures may represent a very challenging model in the long way to understand how genomes and their associated proteomes are shaped by selective processes at various levels of the organismal evolution. Temperature is indeed expected to affect both the codon usage and the subsequent amino-acid composition over the whole genome in order to increase the thermal stability of both the transcriptional/translational machinery and the subsequent produced proteins required to survive and reproduce at high temperatures. The Alvinellidae family represents an excellent opportunity to explore hypotheses about the emergence/maintenance or alternatively, the recently-derived status of the thermophilic trait in poikilothermic metazoans as this clade includes a series of closely related species evolving under highly contrasted thermal conditions over a very long period of time (fossil evidence from the Devonian period). Based on Illumina runs over transcriptomes, we performed a full sequence-based genomic scan from a dataset of 423 putative orthologous loci of six Alvinellidae species including four “chimney species, *Alvinella pompejana*, *Alvinella caudata*, *Paralvinella sulfincola* and *Paralvinella fijiensis*, from which *A. pompejana* and *P. sulfincola* represent true thermophilic eukaryotic species (20-50°C) and two cold diffuse venting species, *Paralvinella grasslei* and *Paralvinella pandorae* (2-20°C). This allowed us to explore amino acid composition, codon usage, divergence, orientation of residue changes and the evolution of dN/dS ratio along branches and sites using codon models. Results clearly demonstrate that adaptation to high temperatures has been ancestrally inherited during the colonization of the vent environment in alvinellid polychaetes. In the Ald’ineages, we observed preferential amino-acid replacements indicative of positive selection associated with adaptation to cold.

Mots-clés

Adaptation, temperature, deep-sea hydrothermal vents, RNAseq

GENOMIQUE ET TRANSCRIPTOMIQUE DE L'AGENT DE BIOPROTECTION RHODOCOCCUS ERYTHROPOLIS R138

Poster n°58

Auteur

Anthony KwasiBorski

Liste complète des auteurs - Affiliations

Anthony KwasiBorski¹, Samuel Mondy¹, Amélie Beury-Cirou² et Denis Faure

1; Institut des Sciences du végétal, CNRS, Gif sur Yvette

2; Comité Nord Plants de Pomme de Terre, Achicourt, France.

Résumé

En 2012, un quart des pertes de la filière plants de pommes de terre sont dues à des bactéries des genres *Pectobacterium* et *Dickeya*, agents responsables de la maladie de la jambe noire. Ces pathogènes coordonnent l'expression de leurs facteurs de virulence grâce à l'émission et la perception de signaux moléculaires, les N-acyl homosérine lactones. Ce mécanisme est appelé quorum-sensing. A ce jour, aucun produit n'est efficace pour lutter contre cette maladie. Dans ce projet, une nouvelle stratégie de phytoprotection basée sur un agent de lutte biologique est étudiée et évaluée dans le cadre du plan EcoPhyto2018. La bactérie rhizosphérique, *Rhodococcus erythropolis* R138 a été isolée de champs de pomme de terre pour sa capacité à dégrader les signaux quorum-sensing et prévenir l'apparition des symptômes de la jambe noire. R138 semble donc un agent de lutte prometteur contre cette maladie. Cependant, son utilisation comme produit phytosanitaire nécessite une meilleure connaissance de son mode d'action contre les pathogènes afin de permettre une application optimale sur les cultures. Dans ce travail, nous avons analysé le génome et le transcriptome de *Rhodococcus erythropolis* R138 en utilisant les outils NGS. Dans un premier temps, le séquençage du génome de *R. erythropolis* R138 a été réalisé par les techniques 454-Roche et Illumina. Ce génome, dont la séquence est connue à 99,9%, est composé d'un chromosome de 6.5Mpb, d'un plasmide linéaire de 250pb et d'un plasmide circulaire de 85pb. Le gène *rrs* est présent en 5 exemplaires. L'annotation automatique (RAST) prédit la présence de 6562 ORF dont 1% sont des ARN de transfert ou ribosomiaux et 40% peuvent être classés en groupes fonctionnels. Les principales fonctions identifiées interviennent dans le métabolisme basal : les acides aminés, les carbohydrates, les acides gras, les protéines et enfin les cofacteurs. Dans un second temps, l'étude du transcriptome, sur pomme de terre, de *R. erythropolis* R138 par RNAseq montre que 252 gènes sur les 6562 présents dans le génome sont exprimés. Dans ces conditions, les classes fonctionnelles prédominantes sont le métabolisme des carbohydrates, des protéines, des ARN et des acides aminés. Au contraire, 7 classes fonctionnelles présentes sur le génome, ne semblent pas être exprimées sur tubercule de pomme de terre. La comparaison du transcriptome de R138 inoculée seule ou co-inoculée avec Pa6276 permettra d'identifier les gènes sur- ou sous-exprimés en présence du pathogène sur tubercule.

Mots-clés

Biocontrôle, Génome, Transcriptome, NGS

COUPLER ISOTOPES STABLES ET METABARCODING ALIMENTAIRE POUR L'ANALYSE DES RESEAUX TROPHIQUES : ECOLOGIE TROPHIQUE DE L'ECREVISSE DE LOUISIANE PROCAMBARUS CLARKII DANS LE MARAIS DE BRIERE.

Poster n°59

Auteur

Sophie Launey

Liste complète des auteurs - Affiliations

S Launey¹, E Quéméré², JM Paillisson JM³, AL Besnard¹, D. Huteau¹, F Pompanon⁴, P. Taberlet⁴, JM Roussel¹

1 INRA/Agrocampus-Ouest, Ecologie et santé des écosystèmes, F-35042 Rennes, France

2 INRA, Comportement et Ecologie de la Faune Sauvage, F-31326 Castanet Tolosan, France

3 CNRS/Université Rennes1, Ecosystèmes, biodiversité et évolution, F-35042 Rennes, France

4 CNRS/Université Grenoble 1, Laboratoire d'Ecologie Alpine, F-38041 Grenoble, France.

Résumé

Les écosystèmes aquatiques continentaux représentent des milieux où la biodiversité est forte à l'échelle locale. Ils sont paradoxalement le siège d'invasions biologiques nombreuses et dont les effets sur les communautés natives sont parfois spectaculaires. Accidentellement introduite au début des années 1980 dans le marais de Brière, l'écrevisse de Louisiane (*Procambarus clarkii*) s'est développée au sein d'un cortège d'autres espèces exotiques. L'objectif de ce travail est de mieux comprendre les mécanismes trophiques associés au succès de cette invasion, et d'identifier les espèces aquatiques pouvant réguler l'invasion. Pour cela, nous étudions l'écologie trophique de l'écrevisse et son rôle dans le fonctionnement de l'écosystème, en combinant deux approches: d'une part, la caractérisation fine du régime alimentaire de l'écrevisse et celui de ses prédateurs potentiels (bio-contrôle) par metabarcoding alimentaire (Pompanon et al. 2012), et d'autre part, l'étude fonctionnelle des réseaux trophiques à partir de l'analyse des isotopes stables sur les mêmes échantillons. L'analyse de metabarcoding alimentaire est réalisée sur 380 individus (écrevisses, proies et prédateurs potentiels) en utilisant une approche innovante basée sur le séquençage très haut débit (Illumina) d'un fragment du gène 18S. Le choix de ce gène permet d'étudier simultanément les compartiments «végétal» et «animal» des régimes alimentaires. Le couplage des analyses de barcoding alimentaire et des isotopes stables sur les individus d'un même réseau trophique offre des passerelles pour étudier des processus écologiques opérant à des échelles variées dans l'écosystème (des relations source-consommateur aux transferts d'énergie). C'est une approche nouvelle et intégrative pour comprendre la structuration des communautés, l'organisation des réseaux trophiques et le fonctionnement des écosystèmes.

Références bibliographiques

Pompanon et al. 2012. Mol Ecol 21: 1931.

Mots-clés

Métabarcoding alimentaire, écologie trophique, invasion,

A FLORISTIC SURVEY OF ALGAL DIVERSITY IN BRITTANY COUPLED WITH DNA-BARCODING REVEALED NEW INSIGHTS

Poster n°60

Auteur

Line Le Gall

Liste complète des auteurs - Affiliations

Marine Robuchon^{1, 2}, Myriam Valero² and Line Le Gall¹

¹ CNRS UPMC Univ Paris 06, UMR 7144, Équipe "BEDIM", Station Biologique de Roscoff, Place Georges Teissier, F-29682 Roscoff Cedex, France.

² Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN), UMR 7138, Systématique, Adaptation et Evolution, 57 rue Cuvier, CP 39, 75231 Paris Cedex 05, France.

Résumé

A floristic survey of algal diversity was conducted along Brittany coast from 2011 to 2012 by sampling 140 quadrats of 1/10 m² within 20 sites. The subtidal flora beneath the canopy of *Laminaria digitata* and *Laminaria hyperborea* were the target of this study and were collected by SCUBA diving. Within each quadrat, all the seaweeds were sorted by morphotype and identified using the floristic keys available for the region. One specimen of each morphotype was preserved frozen for subsequent barcoding analysis. The CO1-5P and the 5'end of the LSU were sequenced yielded to ca. 1000 and 400 sequences, respectively. Molecular assisted taxonomy revealed: 1) the presence of *Neurocaulon foliosum* which was seldom reported in Brittany, and therefore constitutes a new record; 2) the existence of a unknown species of Kallymeniaceae with very distinctive morphological anatomical features and divergent sequences for LSU and the additional marker *rbcl* that was used in this case suggesting the presence of yet undescribed species in the thoroughly studied flora of Brittany; 3) lack of relevance of the characters highlighted in the determination keys for some taxa difficult to identify at the species level such as *Gelidium*. Overall this study constitutes a standardize protocol to survey the algal flora as well as a base line to monitor it in Brittany.

Mots-clés

Seaweed, kelp forest, LSU, CO1, new species, cryptic species, Brittany

IS THE DIVERSITY OF THE ACTIVE PLANT ROOT MICROBIOME SPATIALLY STRUCTURED ?

Poster n°61

Auteur

Amandine Lê Van

Liste complète des auteurs - Affiliations

Amandine Lê Van¹, Achim Quaiser¹, Philippe Vandenkoornhuyse¹, Alexandra Dheilly², Sophie Coudouel² and Alexis Dufresne¹

¹ UMR-CNRS 6553 ECOBIO 'Ecosystèmes Biodiversité Evolution' et OSUR 'Terres Ecosystèmes Sociétés', Université de Rennes 1 Campus de Beaulieu - F-35042 Rennes cedex;

² Université de Rennes 1, OSUR, Plateforme génomique environnementale et fonctionnelle;

Résumé

Plant microbiome can be viewed as a second plant genome and is involved in plant health and productivity, and in biogeochemical cycles. Recently, this large « hidden diversity » has been investigated thanks to progress in high-throughput sequencing. Until now, most of studies focused on the « resident » communities by working on DNA sequences and were restricted to one domain of life. Moreover, the rhizoplane compartment, i.e. the root surface, which constitute the main entrance for microorganism colonization, has been overlooked compared to rhizosphere or endosphere. The aim of our study is to determine whether the active microbial communities are structured by compartments; (the rhizoplane and the endosphere). The originality of this work is to assess the complexity of a Poaceae root microbiome, *Agrostis stolonifera*, by targeting simultaneously active (RNA) and resident (DNA) bacterial and fungal communities. We will address several questions: (i) are endophyte and epiphyte microbial communities distinct from one and other; (ii) is the structure observed between endophytes and epiphytes conserved between resident and active microbial communities? (iii) is the variation among the *Agrostis* individuals more important for resident communities compared with active communities? Variable regions of the 16S and 18S ribosomal RNA genes from 21 individuals were amplified using two specific primer pairs designed to exclude plant organelle ribosomal genes. Amplicon pyrosequencing followed by analyses with a dedicated bioinformatic pipeline led to more than 200 000 high quality sequences divided into 627 fungal and 797 bacterial OTUs, respectively.

Mots-clés

Plant microbiome, pyrosequencing, 16 S rRNA, 18S rRNA, epiphyte, endophyte

IMPACT OF WOLBACHIA BACTERIAL ENDOSYMBIONTS ON THE EVOLUTION OF SEX DETERMINATION IN THE ISOPOD ARMADILLIDIUM VULGARE

Poster n°62

Auteur

Sébastien Leclercq

Liste complète des auteurs - Affiliations

Sébastien Leclercq, Isabelle Giraud, Lise Ernenwein, Pierre Grève & Richard Cordaux ;
Université de Poitiers, UMR CNRS 7267 Ecologie et Biologie des Interactions, Equipe Ecologie Evolution Symbiose, 40 Avenue du Recteur Pineau, 86022 Poitiers Cedex, France

Résumé

In the isopod *Armadillidium vulgare*, genetic sex determination follows female heterogamety (ZZ males and ZW females). However, many *A. vulgare* populations harbor maternally-inherited *Wolbachia* bacterial endosymbionts which can convert genetic males into phenotypic females, leading to populations with female-biased sex ratios. Surprisingly, some *A. vulgare* lines exhibit female-biased sex ratios despite the lack of *Wolbachia*. In these lines, female individuals are ZZ genetic males carrying an unknown feminizing factor. To elucidate the genetic basis of female sex determination in these lines, we used high throughput sequencing (Illumina) to get the genome of one of these females. We identified a large piece of the *Wolbachia* genome transferred to the *A. vulgare* nuclear genome. The transferred genomic fragment shows non-Mendelian inheritance and co-segregates perfectly with the female sex in pedigrees, in agreement with observed biased sex ratios. These results suggest that sex determination in these *A. vulgare* lines is under the control of nuclear gene(s) of bacterial origin. Overall, our results emphasize that bacterial endosymbionts can be powerful sources of evolutionary novelty for fundamental biological processes in eukaryotes, such as sex determination.

Mots-clés

Sex Chromosome evolution, *Wolbachia*, DNA transfer

IMPACT D'UNE MULTI-POLLUTION METALLIQUE SUR LA DIVERSITE BACTERIENNE DU SOL A MICRO-ECHELLE

Poster n°63

Auteur

Frédéric Lehembre

Liste complète des auteurs - Affiliations

Lehembre F., Navel A., Lejon D.P.H, Vince E., Lobreau S, Spadini L., Martins J.M.F
Laboratoire d'Etudes des Transferts en Hydrologie et Environnement, LTHE, UMR 5564, CNRS-INSU/Univ.
Grenoble I/INPG/IRD

Résumé

L'accumulation de métaux lourds dans les sols perturbe et modifie les équilibres compétitifs entre espèces microbiennes et conduit à l'élimination de certaines, à l'implantation de nouvelles et en définitive à éventuellement une diminution (voire une augmentation) de la diversité biologique. Cependant, la distribution spatiale non homogène et spécifique des microorganismes entre les différents micro-compartiments des sols suppose un impact écotoxicologique variable lors d'une contamination métallique par un ou plusieurs métaux lourds. Afin de mieux comprendre le comportement à micro-échelle des bactéries en réponse à une pollution métallique, nous avons développé une approche multidisciplinaire basée sur l'étude de la diversité microbienne via le pyroséquençage du gène de l'ARNr 16S corrélée à la spéciation chimique de 3 métaux lourds (Cu, Cd et Cr) seuls et en mélange dans les différentes fractions granulométriques d'un sol sous vigne. Les premiers résultats montrent que chaque micro-compartiment des sols représente un micro-habitat spécifique pour les bactéries aux propriétés bio-géo-chimiques particulières. Cette spécificité confère aux communautés bactériennes de ces compartiments une sensibilité aux intrants métalliques d'intensité et de durée variables.

Mots-clés

Pyroséquençage, ADNr 16S, sol, métaux lourds, micro-échelle

Poster n°64

Auteur

Frédéric Mahé

Liste complète des auteurs - Affiliations

Frédéric Mahé¹, Torbjørn Rognes^{2,3,4}, Colomban de Vargas⁵, Christopher Quince⁶ & Micah Dunthorn¹

1 - Department of Ecology, University of Kaiserslautern, Erwin-Schrödinger Str. 14, D-67663 Kaiserslautern, Germany, mahe@rhrk.uni-kl.de and dunthorn@rhrk.uni-kl.de

2 - Department of Microbiology, Oslo University Hospital, Rikshospitalet Oslo University Hospital, P.O box 4950, Nydalen, 0424 Oslo, Norway

3 - Center for Molecular Biology and Neuroscience (CMBN), Oslo University Hospital, Rikshospitalet Oslo University Hospital, P.O box 4950, Nydalen, 0424 Oslo, Norway

4 - Department of Informatics, University of Oslo, P.O box 1080, Blindern, 0316 Oslo, Norway rogn@ifi.uio.no

6 - Adaptation et Diversité en Milieu Marin, UMR 7144 CNRS--UPMC, Université de Paris 6, Station Biologique de Roscoff, F-29680 Roscoff, France, vargas@sb-roscoff.fr

7 - Department of Civil Engineering, University of Glasgow, Rankine Building, Oakfield Avenue, Glasgow G12 8LT, UK, christopher.quince@glasgow.ac.uk

Résumé

With next generation sequencing technologies, millions of amplicons can be obtained from a single environmental or clinical sample. To reduce this complexity for subsequent analyses, such as taxa enumeration, ecological statistics and phylogeny, amplicons are clustered into molecular operational taxonomic units. Current popular clustering methods suffer from two fundamental flaws: arbitrary global clustering thresholds, and centroid selection induced input-order dependency. Swarm was developed to solve these flaws by iteratively clustering amplicons with at most n differences, until the cluster reaches its natural limits. This approach produces stable results and maximizes the amount of meaningful biological information that can be extracted from amplicon-based studies. Swarm is used by several large scale projects such as TARA OCEANS, and is available at <https://github.com/torognes/swarm>.

Mots-clés

Environmental diversity, metabarcoding, operational taxonomic units

TRANSCRIPTOME CHEMOSENSORIEL (OBP, CSP) DE DEUX PUNAISES HEMATOPHAGES VECTRICES DE LA MALADIE DE CHAGAS.

Poster n°65

Auteur

Axelle Marchant

Liste complète des auteurs - Affiliations

Axelle Marchant; 1, Florence Mougel; 1, 2, Emmanuelle Jacquin-Joly; 3, Myriam Harry; 1, 2;
1; Laboratoire Evolution, Génomes et Spéciation; (LEGS) ; CNRS : UPR9034, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UR072 avenue de la Terrasse Bâtiment 13, Boite Postale 1 91198 Gif sur Yvette;-; France
2; Université Paris 11, Paris Sud; (UP11); Ministère de l'enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique, Université Paris XI - Paris Sud Bât. 300 - 91405 Orsay cedex; France
3; Physiologie de l'insecte : Signalisation et Communication; (PISC) AgroParisTech, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI, Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1272F-78000 Versailles; France

Résumé

Les nouvelles technologies de séquençage ouvrent de nouvelles perspectives d'étude sur les organismes non modèles. Elles fournissent également des solutions à certaines questions auparavant sans réponse notamment sur les mécanismes génétiques impliqués dans l'adaptation (Stapley et al., 2010). Grâce à la quantité très importante d'informations qu'elles procurent, elles permettent de travailler sur un nombre très important de gènes ou sur des familles multigéniques. C'est pourquoi, nous avons choisi d'utiliser les NGS afin d'étudier l'adaptation aux milieux anthropisés de punaises hématophages vectrices de la maladie de Chagas en Amérique latine. En effet, cette maladie constituant un véritable problème de santé publique (7 à 8 millions de personnes infectées d'après l'OMS), des programmes de contrôle par éradication chimique des vecteurs ont été mis en place afin de lutter contre cette maladie. Cela a permis d'éliminer *Rhodnius prolixus* de certains pays d'Amérique centrale et *Triatoma infestans* du Brésil. Cependant, la domiciliation, c'est-à-dire de colonisation de l'habitat anthropique, est observée pour de nouvelles espèces. *Triatoma brasiliensis* en est un exemple. Lors de la destruction des habitats sylvatiques des punaises, notamment par déforestation, le processus de domiciliation est amplifié. Il est donc impératif de comprendre ce processus afin d'améliorer les méthodes de lutte contre les vecteurs (Lazzari and Lorenzo, 2009). Le système chemosensoriel permet aux punaises d'interagir avec leur environnement et d'influencer leur comportement (Pelosi et al., 2005). Il pourrait donc jouer un rôle important dans le processus de domiciliation. Etudier le système chemosensoriel des Triatominae serait donc une manière novatrice d'aborder la problématique adaptative de la domiciliation. C'est pourquoi, les transcriptomes chemosensoriels de *T. brasiliensis* et de *R. prolixus* ont été séquencés pour la première fois à haut débit en 454 et en Illumina. Après assemblage de novo, nous avons identifié respectivement chez *T. brasiliensis* et chez *R. prolixus* 22 et 27; transcrits d'OBP (odorant-binding protein) ainsi que 16 et 19 de CSP (chemosensory proteins). Le nombre de transcrits d'OBP et de CSP étant comparable au nombre de gènes annotés dans le génome de *R. prolixus*, nous pouvons conclure qu'il n'y a pas d'épissage alternatif; dans ces familles. Le répertoire d'OBP et de CSP de ces deux espèces est comparé à celui d'autre Paraneoptera. L'analyse phylogénétique de ces protéines chez les Paraneoptera suggère un processus d'évolution plus dynamique pour les OBP et les CSP chez les Triatominae qui pourrait être lié à leur adaptation à l'hématophagie.

Références bibliographiques

Lazzari, C.R., and Lorenzo, M.G. (2009). Exploiting triatomine behaviour: alternative perspectives for their control. *Memórias Inst. Oswaldo Cruz* 104, 65–70. Pelosi, P., Calvello, M., and Ban, L. (2005). Diversity of Odorant-binding Proteins and Chemosensory Proteins in Insects. *Chem. Senses* 30, i291–i292. Stapley, J., Reger, J., Feulner, P.G.D., Smadja, C., Galindo, J., Ekblom, R., Bennison, C., Ball, A.D., Beckerman, A.P., and Slate, J. (2010). Adaptation genomics: the next generation. *Trends Ecol. Evol.* 25, 705–712.

Mots-clés

OBP, CSP, transcriptome, séquençage à haut débit, adaptation, hémophagie, vecteur de la maladie de Chagas

Poster n°66

Auteur

Gabriel V. Markov

Liste complète des auteurs - Affiliations

Gabriel V. Markov et Ralf J. Sommer

Department for Evolutionary Biology, Max Planck Institute for Developmental Biology, Spemannstrasse 37, Tübingen D-72076, Germany

Résumé

Contexte: le concept d'homologie est fondamental en biologie comparative et constitue un outil crucial pour l'analyse de la distribution des caractères. Introduit par Owen en 1843 dans le cadre de l'atomie comparée, ce concept peut s'appliquer de la même façon aux gènes codant pour des protéines. Toutefois, en biologie moléculaire, la distinction entre gènes orthologues, séparés par un événement de spéciation, et paralogues, séparés par une duplication génique spécifique d'une lignée, a longtemps été limitée par l'absence de données de séquence pour des génomes complets. Actuellement, le séquençage massif de génomes permet des analyses exhaustives des relations d'homologie entre gènes et familles de gènes à l'échelle d'un phylum entier. Résultats: Nous avons analysé un jeu de données manuellement expertisées de plus de 2000 séquences protéiques provenant de onze génomes complets de nématodes appartenant à différents genres, et comprenant des nématodes libres, des parasites d'insectes et de plantes, afin d'étudier les relations d'homologie au sein des familles multigéniques. Utilisant les neuf autres espèces entièrement séquencées comme extragroupe, nous nous sommes spécialement concentrés sur les deux espèces modèles *Caenorhabditis elegans* et *Pristionchus pacificus* pour comparer l'histoire évolutive des enzymes impliquées dans la détoxification des xénobiotiques et la synthèse des acides gras. Nous avons établi que seule une faible proportion des gènes de ces familles sont des orthologues directs, et que leur histoire est marquée par des duplications massives. Conclusions: Sur un total de 348 gènes chez *C. elegans* et 543 chez *P. pacificus*, seuls 37 sont des orthologues directs. Par conséquent, les amplifications massives et les pertes de gènes constituent un phénomène très répandu chez les nématodes. Nous discutons des conséquences de l'absence quasi-totale d'orthologues stricts dans des organismes apparentés et de l'application du concept d'homologie pour des gènes codant des protéines à l'ère du séquençage de génomes complets.

Références bibliographiques

Article soumis à BMC Evol Biol. Voir aussi Markov, G. V. & Sommer, R. J. The evolution of novelty in conserved gene families. *Int J Evol Biol*, 2012, 490894 pour une contextualisation plus large, et Markov, G. V., Tavares, R., Dauphin-Villemant, C., Demeneix, B. A., Baker, M. E. & Laudet, V. Independent elaboration of steroid hormone signaling pathways in metazoans. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2009, 106, 11913-11918 pour un autre exemple de la même approche déjà publié, à un degré de résolution moindre.

Mots-clés

Métabolisme des xénobiotiques, acides gras, nématodes, expansions géniques lignée-spécifiques, homologie, orthologie, paralogie, *Caenorhabditis elegans*, *Pristionchus pacificus*

SUMATRA ET SUMACLUST : COMPARAISONS ET CLUSTERING DE SEQUENCES EXACTS ET RAPIDES.

Poster n°67

Auteur

Céline Mercier

Liste complète des auteurs - Affiliations

Mercier Céline, Boyer Frédéric, Bonin Aurélie, Coissac Eric,
Laboratoire d'écologie Alpine (LECA) CNRS UMR 5553

Résumé

Avec le développement important des techniques de séquençage à haut débit ces dix dernières années, les mesures de la biodiversité subissent un bouleversement méthodologique. Parmi les techniques émergentes, le DNA metabarcoding (Taberlet et al., 2012), étendant l'idée initiale du DNA barcoding à l'étude d'échantillons environnementaux complexes comme de l'eau ou du sol. Actuellement, la phase critique dans ce type d'analyse est le traitement des données qui nécessite de développer des outils adaptés à ces volumes de données. L'objectif final d'une analyse de DNA metabarcoding est d'obtenir une description de la diversité taxonomique d'un écosystème à partir de l'ADN environnemental que l'on peut en extraire. Plus prosaïquement, une étape clef est d'annoter taxonomiquement les séquences d'ADN obtenues par NGS. Il s'agit d'un processus de classification. Ces processus de classification peuvent se diviser en deux grandes catégories. Les méthodes supervisées permettent d'assigner les séquences à des taxons en les comparant avec les séquences d'une base de données de référence (Ratnasingham et al., 2007), et les méthodes non supervisées permettent, en l'absence d'une base de données de référence, de regrouper des séquences sur la base de leur similarité en Unités Taxonomiques Opérationnelles (OTUs) (Blaxter et al., 2005). Les algorithmes de classification en OTUs se basent sur un processus en deux étapes: l'estimation des similarités entre les séquences, puis le regroupement des séquences en classes. Selon l'indice de similarité et l'algorithme de classification choisis, le résultat de la classification peut varier de façon drastique. La méthode de classification doit donc être soigneusement choisie en fonction de la raison pour laquelle l'on veut classifier (Huse et al., 2010). Deux raisons peuvent être évoquées pour justifier le regroupement des séquences en classes de similarité: d'une part, pallier aux erreurs de séquençage et de PCR, et d'autre part regrouper dans une même classe les organismes taxonomiquement proches. Pour répondre à ce problème, nous proposons un package de deux programmes : SUMACLUST et SUMATRA. SUMACLUST implémente un algorithme exact et rapide de clustering similaire à ceux implémentés dans UCLUST (Edgar, 2010) et CD-HIT (Fu et al., 2012). Cet algorithme est donc particulièrement adapté à l'identification des erreurs de séquençage et de PCR. SUMATRA permet de calculer de manière efficace une matrice seuillée de distances entre séquences qui pourra être utilisée par d'autres algorithmes de classification comme par exemple MCL (Van Dongen 2010, Zinger et al. 2009).

Références bibliographiques

P. Taberlet, E. Coissac, F. Pompanon, C. Brochmann, E. Willerslev, Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Molecular Ecology*, 21, 2045–2050, 2012. S. Ratnasingham and P.D.N. Hebert, BOLD: the barcode of life data system (www.barcodinglife.org). *Mol. Ecol. Notes*, 7, 355–364, 2007. M. Blaxter, J. Mann, T. Chapman, F. Thomas, C. Whitton, R. Floyd and Eyuaem-Abebe, Defining operational taxonomic units using DNA barcode data. *Philos. Trans. R Soc. Lond B Biol. Sci.*, 360, 1935–1943, 2005. S.M. Huse, D.M. Welch, H.G. Morrison, M.L. Sogin, Ironing out the wrinkles in the rare biosphere through improved OTU clustering. *Environ Microbiol*, 12: 1889–1898, 2010. R.C. Edgar, Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics*, 26:2460-2461, 2010. L. Fu, B. Niu, Z. Zhu, S. Wu, W. Li, CD-HIT: accelerated for clustering the next-generation sequencing data, *Bioinformatics*, 28:3150-3152, 2012. S. Van Dongen, Graph clustering by flow simulation. University of Utrecht, Utrecht, The Netherlands, 2010. L. Zinger, E. Coissac, P. Choler, R. Geremia, Assessment of microbial communities by graph partitioning in a study of soil fungi in two alpine meadows. *Applied and Environmental Microbiology*, 75:5863-5870, 2009.

Mots-clés

Metabarcoding, clustering, comparaison, classification, alignement, parallélisation

EVOMETONICKS: MOLECULAR DIVERSITY AND EVOLUTION OF NICKEL HYPERACCUMULATION IN PLANTS.

Poster n°68

Auteur

Sylvain Merlot

Liste complète des auteurs - Affiliations

Sylvain Merlot^{1,2}, Laure Hannibal², Valérie Sarramegna³, Bruno Fogliani⁴, Michel Lebrun⁴, Sébastien Thomine¹.

1 Institut des Sciences du Végétal, Labex SPS, CNRS, Avenue de la terrasse, 91198 Gif-sur-Yvette cedex, France.

2 IRD, Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, IRD Nouméa, BP A5, 98848 Nouméa cedex, Nouvelle-Calédonie.

3 Laboratoire Insulaire du Vivant et de l'Environnement, Université de la Nouvelle-Calédonie, BP 4477, 98487 Nouméa cedex, Nouvelle-Calédonie.

4 Institut Agronomique néo-Calédonien, BP 73, Païta, Nouvelle-Calédonie.

5 Université Montpellier 2, Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, Campus International de Baillarguet TA-A82/J, 34398 Montpellier cedex 5, France.

Résumé

Nickel is an economically important metal and sustainable phytotechnologies, such as phytoremediation and phytomining, are developed to limit the impact of nickel mining on the environment. Worldwide, more than 400 plant species scattered in 40 families are known to accumulate more than 0,1% nickel and could therefore be used to support the development of these phytotechnologies. However, despite this large diversity of nickel hyperaccumulators, our knowledge of the molecular mechanisms involved in nickel tolerance and accumulation is still very scarce and restricted to herbaceous Brassicaceae. In order to broaden our knowledge of nickel accumulation, we used NGS technology to sequence the leaf transcriptome of *Psychotria gabriellae*, a tropical nickel hyperaccumulator of the Rubiaceae family endemic from New Caledonia. We obtained more than 30.000 contigs after de novo assembly of the reads. Among candidate genes involved in nickel homeostasis, we showed that the PglREG1 transporter of the ferroportin family is able to transport nickel and localizes in the vacuolar membrane. In addition, PglREG1 is more expressed in leaves of *P. gabriellae* than in the closely related non-accumulator species; *P. semperflorens*. Together, these results suggest that PglREG1 is involved in nickel hyperaccumulation. To identify additional genes involved in nickel accumulation in Psychotriaceae, we will compare the shoot and root transcriptomes of these related hyperaccumulator and non-accumulator species. We will also use this strategy to identify genes linked to nickel hyperaccumulation in other plant families including Brassicaceae and Cunoniaceae in order to identify conserved or more divergent mechanisms involved in nickel accumulation in plants.

Mots-clés

Nickel, hyperaccumulator, biodiversity, evolution

Poster n°69

Auteur

Maha Mezghani Khemakhem

Liste complète des auteurs - Affiliations

- Salma DJEBBI1, Hanem Makni1,2, Dhia BOUKTILA1,3; Mohamed Makni1 & Maha Mezghani-Khemakhem1
1. UR«Génomique des Insectes Ravageurs des Cultures d'Intérêt Agronomique», Faculté des Sciences de Tunis. Université Tunis El Manar
 2. Institut Supérieur pour l'animation de la jeunesse et la culture. Bir El Bey. Université de Tunis
 3. ISB Beja Tunis, Université de Jendouba, Tunisie

Résumé

Le pois est l'une des légumineuses les plus cultivées dans le monde. Cependant, son rendement et la qualité des graines sont affectés par une multitude d'agents pathogènes. Chez les plantes, la classe des NBS-LRRs (Nucleotide-Binding-Site Leucine-Rich-Repeats) est celle qui comporte la majorité des gènes de résistance assurant la défense contre ces pathogènes. Ces gènes partagent des motifs conservés; au niveau du domaine NBS ce qui facilite l'identification de séquences potentiellement associées à la résistance dites analogues de gènes de résistance (RGAs). L'identification des RGAs; permet l'établissement d'une base capitale pour l'amélioration de cette légumineuse. Dans le présent travail, nous nous sommes proposé d'identifier des RGAs chez *Pisum sativum*. Pour se faire, nous avons dans une première étape amplifié et cloné des RGAs à partir de trois variétés de pois grâce à des amorces désignées à partir du domaine NBS. Au total, 17 RGAs ont été obtenues dont 10 appartiennent à la sous-classe des TIR-NBS-LRRs et 7 à la sous-classe des CC-NBS-LRRs. Dans une deuxième étape, nous avons utilisé ces séquences en combinaison avec des gènes de résistance appartenant à différentes classes pour rechercher *in silico* d'autres RGAs à partir des banques ESTs de *P. sativum*. Le TBlastn nous a permis de détecter 150 ESTs présentant des homologies significatives ($E\text{-value} \leq 1e-10$; $\text{score} \geq 100$). Le BlastX de ces séquences, nous a permis d'identifier dix présentant des homologies avec des protéines de résistance de; la classe des NBS-LRRs. L'analyse phylogénétique a montré que sur ces 10 séquences, cinq appartiennent à la sous-classe des TIR-NBS-LRRs et cinq à la sous-classe des CC-NBS-LRRs. La comparaison par alignement des 27 RGAs identifiés a montré l'existence de sites multiples de délétion, de mutations de types Frameshift ainsi que plusieurs substitutions même au niveau des domaines conservés caractéristiques de la classe NBS-LRR. En outre, l'analyse des séquences par le logiciel PROSITE a révélé la présence de plusieurs sites de phosphorylation impliqués dans la transduction des signaux. Les résultats de cette étude donnent un aperçu sur la variabilité des gènes de résistance de la classe NBS-LRRs chez le pois et présentent ainsi une ressource de données utilisables pour l'élioration variétale de cette légumineuse.

Mots-clés

Pisum sativum, RGAs, NBS-LRRs, *in silico*, banque ESTs.

IMPACT DE BIAIS CARBONES SUR LES POPULATIONS BACTERIENNES DU SOL DANS UN SYSTEME ARTIFICIEL D'EXSUDATION ET DE RHIZOSPHERE VEGETALE

Poster n°70

Auteur

Samuel Mondy

Liste complète des auteurs - Affiliations

MONDY Samuel, LENGLET Aurore*, BEURY-CIROU Amélie, LIBANGA Célestin, RATET Pascal, FAURE Denis, DESSAUX Yves;

Institut des sciences du végétal, CNRS UPR 2355, avenue de la terrasse, 91198 Gif-sur-Yvette CEDEX, France.

*Adresse actuelle: Département de biologie moléculaire végétale, Université de Lausanne, CH-1015 Lausanne, Confédération Helvétique.

Résumé

Les végétaux influencent leur environnement microbien via l'exsudation de nombreux composés au niveau de leurs racines (1). Dans le cas des Plantes Génétiquement Modifiées (PGM), l'expression des transgènes peut modifier la composition des exsudats racinaires, donc la composition de la flore bactérienne associée (2). Nous avons étudié l'impact d'un biais d'exsudation lié à la transgénèse, sur la bactérioflore racinaire, en utilisant des PGM modèles, productrices d'un composé surnuméraire, l'octopine (3), à deux concentrations. Nous montrons que la modification de la densité des membres de la communauté dégradatrice d'octopine n'est perceptible qu'à forte concentration de ce composé. Afin d'affiner ces résultats, nous avons utilisé un système d'exsudation artificiel en sol. Dans ce dernier cas, le biais carboné a consisté au remplacement des acides organiques par de l'octopine (de 0 à 75% du carbone total apporté). Une augmentation linéaire de la fréquence des membres de la communauté utilisatrice d'octopine dans la population cultivable a été observée. En parallèle, nous avons extrait l'ADN bactérien et effectué un pyroséquençage des régions V1-V2 des gènes *rrs*. Cette analyse montre que sur la structure globale de la population bactérienne est peu modifiée. Néanmoins l'addition des exsudats synthétiques stimule - sur la durée de l'expérience (soit 8 jours) - les bactéries du genre *Pseudomonas*, *Sphingomonas*, *Hydrogenophaga* et *Variovorax*. L'addition d'octopine stimule de manière significative les populations d'Ensifer. Cette analyse a permis la mise en place d'une méthode d'analyse statistique des données de plicon 16S utilisant le package DESeq, initialement développé pour les analyses SAGE ou RNAseq. En conclusion de cette analyse, le biais carboné induit par la transgénèse peut modifier la proportion relative des utilisateurs de certains composés affectés par la transgénèse, et donc la structure de la population bactérienne.

Références bibliographiques

1. BAIS HP, WEIR TL, PERRY LG, GILROY S, VIVANCO JM (2006). The role of root exudates in rhizosphere interactions with plants and other organisms, *Annual Review of Plant Biology* 57: 233-266. 2. OGER PM, MANSOURI H, NESME X, DESSAUX Y (2004). Engineering root exudation of Lotus toward the production of two novel carbon compounds leads to the selection of distinct microbial populations in the rhizosphere, *Microbial Ecology* 47:96-103. 3. DESSAUX Y, PETIT A, FARRAND S K, MURPHY P M. (1998) Opine and opine-like molecules involved in plant-Rhizobiaceae interactions. In: Spaink HP, Kondorosi A, Hooykaas P, editors. *The Rhizobiaceae*. Dordrecht, The Netherlands: Kluwer Academic Publishers, pp. 173-197.

Mots-clés

Rhizosphère, exsudation racinaire, OGM, *rrs*, séquençage haut débit, 454, analyse différentielle

POPULATION GENOMICS OF ENVIRONMENTAL POOLS TO INFER ADAPTATION OF THE PLANT PATHOGEN *PSEUDOMONAS SYRINGAE* TO CROPS

Poster n°71

Auteur

Caroline L. Monteil

Liste complète des auteurs - Affiliations

C.L. MONTEIL^{1,2,3}, G. MERIC³, S.K. SHEPPARD³, D. STUDHOLME⁴, C.E MORRIS¹, B.A. VINATZER²

¹ INRA, UR0407 Pathologie Végétale; 84143 Montfavet cedex, France

² Department of Plant Pathology, Physiology, and Weed Science, Virginia Tech, Latham Hall, Ag Quad Lane, Blacksburg, VA, USA;

³ Institute of Life Science, College of Medicine, Swansea University, Swansea SA2 8PP, UK

⁴ Biosciences, University of Exeter, Exeter, Devon, UK

Résumé

Elucidation of crop pathogen emergence is usually based exclusively on analysis of populations associated with epidemics and, thus, is restricted to an agricultural framework. But recent research on ecology and evolution of the plant pathogen *Pseudomonas syringae* showed that numerous environmental habitats linked to the water cycle represent significant reservoirs of the bacterium and contribute to the emergence of crop pathogens [1, 2]. Therefore, the role of these environmental pools in the emergence of crop pathogens needs to be more deeply investigated. With the development of Whole Genome Sequencing (WGS), population genomics is today the best approach to unravel population structure, gene flow, adaptation and evolutionary history of bacterial pathogens. In this study, we performed such an approach focusing on two phylogenetic groups within the *P. syringae* complex. We sequenced approximately one hundred strains isolated from diseased plants and the environment using the Illumina HiSeq sequencer. Then, adaptation to crops was inferred by a genome-wide association study, which allows identifying genes associated with either phenotypes or isolation metadata [3]. A phylogenetic network was also built to reconstruct the evolutionary history of the two groups and correlate phylogeny with isolation habitats. Overall, our results obtained so far confirm that inclusion of environmental pathogen pools is a prerequisite for elucidation of crop pathogen emergence.

Références bibliographiques

Monteil, C.L., et al., Non-agricultural reservoirs contribute to emergence and evolution of *Pseudomonas syringae* crop pathogens. *New Phytol*, 2013. 199(3): p. 800–811. Morris, C.E., et al., The life history of the plant pathogen *Pseudomonas syringae* is linked to the water cycle. *ISME J*, 2008. 2(3): p. 321-334. Sheppard, S.K., et al., Genome-wide association study identifies vitamin B-5 biosynthesis as a host specificity factor in *Campylobacter*. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2013. 110(29): p. 11923-11927.

Mots-clés

Plant pathogen, evolution, adaptation, population genomics, association gene mapping, environmental reservoirs, epidemiology

SOIL MICROBIAL DIVERSITY EFFECTS ON PRIMARY PRODUCTION AND SYMBIOTIC INTERACTIONS

Poster n°72

Auteur

Christophe Mougel

Liste complète des auteurs - Affiliations

C. Lepinay¹, C. Faivre-Primot¹, F. Deau¹, J. Aubert², S. Terrat^{1,3}, T. Rigaud⁴, C. Salon¹, P. A. Maon^{1,3}, **C. Mougel^{1*}**

¹INRA, Agroécologie, UMR 1347, INRA/uB/AgroSup, 17 rue Sully, F-21065, Dijon, France

²INRA, Mathématiques et Informatique Appliquées, UMR518, 16 rue Claude Bernard, F-75231, Paris, France

³INRA, Agroécologie, UMR 1347, Plateforme GenoSol, 17 rue Sully, F-21065, Dijon, France

⁴CNRS, Biogeosciences, UMR 6282, CNRS/uB, 6 bd Gabriel, F-21000, Dijon, France

*Present adress : INRA, Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes, UMR1349, Domaine de la Motte, F-35653 Le Rheu, France

Résumé

It is now recognized that telluric microorganisms play a major role in ecosystem functioning, through their trophic exchanges with plants. However, the role of soil microbial diversity for primary production remains controversial, and the role of the whole soil microbial diversity on microbe-plant symbiotic interactions remains unexplored. Here, we manipulated soil microbial diversity by inoculating a sterilized soil with serial dilutions of a suspension from the same non-sterilized soil, to determine the consequences of different microbial diversity on the growth and fitness of three plant species with decreasing degree of symbiotic dependence: *Medicago truncatula*, *Brachypodium distachyon* and *Arabidopsis thaliana*. The results showed that symbiotic interactions are negatively affected by the decreasing of the surrounding microbial diversity. The impact of a decreased microbial diversity on plants depends on their reliance on symbionts. *M. truncatula* was negatively affected by erosion while *B. distachyon* was positively affected and there was a significant effect on *A. thaliana*. These results are of interest to predict the consequences of soil microbial diversity erosion, on crop plants, according to their symbiotic interactions.

COMPARAISON GENOMIQUE BACTERIENNE ET METAGENOMIQUE POUR CARACTERISER LE MICROBIOME ASSOCIE AUX NEMATODES ENTOMOPATHOGENES

Poster n°73

Auteur

Jean-Claude Ogier

Liste complète des auteurs - Affiliations

Jean-Claude Ogier¹, Sylvie Pages¹, Olivier Thaler¹, Marie Frayssinet¹, Estelle Jumas-Bilak², Kevin Esteves², Alain Givaudan¹, Patrick Tailliez¹ et Sophie Gaudriault¹

¹ UMR 1333 INRA-UM2 DGIMI, Université Montpellier 2, cc054, 34095 Montpellier cedex 05, France;

² UMR 5119 Ecosym, Université Montpellier 1, Faculté de Pharmacie, 34093 Montpellier Cedex 5, France

Résumé

Les nématodes entomopathogènes (NEPs) des genres *Heterorhabditis* et *Steinernema* sont des pathogènes d'insectes du sol et sont commercialisés comme bio-insecticides pour lutter contre certains ravageurs de culture. Les stades infestants (IJs) vivent à l'état libre dans les sols et transportent en symbiose dans leur tube digestif des Entérobactéries des genres *Xenorhabdus* et *Photorhabdus* qui seront ensuite libérées dans les insectes parasités. Il s'agit d'associations hautement spécifiques, puisque chaque espèce de nématode est associée généralement à une espèce de bactéries. Les bactéries symbiotiques sécrètent un très grand nombre de toxines insecticides, de molécules immuno-suppressives, de molécules antibiotiques et d'enzymes de dégradation. Les nématodes utilisent leurs symbiontes bactériens comme armes pour tuer l'insecte, pour éliminer une grande partie des micro-organismes compétiteurs et convertir la dépouille en sources nutritives, qui leurs permettront de se développer et de se multiplier. Lorsque les ressources sont épuisées, les nématodes se réassocient à leurs bactéries et quittent la dépouille de l'insecte ; à la recherche de nouvelles proies. Si le cycle biologique des nématodes et le rôle joué par les symbiontes lors du processus infectieux sont bien documentés, peu de choses sont connues sur l'écosystème microbien; transporté par la forme IJ du nématode. Il a été montré que des bactéries appartenant à des genres très variés (*Acinetobacter*, *Ochrobactrum*, *Paenibacillus*, *Pseudomonas*, *Alcaligenes*, etc...) étaient régulièrement associés aux NEPs (1, 2). ; Nous nous intéressons au laboratoire à la caractérisation de ce microbiome dans le processus infectieux du couple bactério-helminthique, en combinant de la comparaison génomique bactérienne *in silico* et de la métagénomique du microbiome du nématode. L'analyse de génomique comparative met en évidence que les bactéries *Xenorhabdus* et *Photorhabdus* partagent de nombreux gènes de leur génome accessoire avec des bactéries de l'environnement (sol et plantes), ce qui suggère des transferts génétiques horizontaux fréquents avec ces bactéries dans des niches écologiques communes comme le nématode ou le cadavre de l'insecte. Les premiers résultats de description du microbiome de populations de nématodes stockés au laboratoire et/ou prélevés dans l'environnement obtenus en PCR-TTGE ciblant l'ADNr 16S révèlent la présence d'un cortège bactérien stable chez certains nématodes. Ces données préliminaires permettront par la suite d'engager un programme de séquençage à haut débit pour identifier en profondeur ce microbiome. A moyen terme, ce projet permettra de caractériser le pathobiome des nématodes entomopathogènes et le rôle de l'holobionte (macroorganisme et son cortège de microorganismes) dans le processus infectieux des NEPs.

Références bibliographiques

- (1) Gouge DH & Snyder JL (2006). Temporal association of entomopathogenic nematodes (Rhabditida: Steinernematidae and Heterorhabditidae) and bacteria. *J. Invertebrate Pathology* 91: 147–157.
- (2) Babic I, Fischer-Le Saux M, Giraud E, Boemare N (2000). Occurrence of natural dixenic associations between the symbiont *Photorhabdus luminescens* and bacteria related to *Ochrobactrum* spp. in tropical entomopathogenic *Heterorhabditis* spp. (Nematoda, Rhabditida). *Microbiology* 146:709–718.

Mots-clés

Nématodes entomopathogènes, *Xenorhabdus*, *Photorhabdus*, pathobiome, génomique comparative & métagénomique

POTENTIAL ROLE OF MITO-NUCLEAR GENETIC INCOMPATIBILITIES IN THE MAINTENANCE OF BARRIERS TO GENE FLOW ACROSS SECONDARY CONTACT ZONES IN THE BIVALVE *MACOMA BALTHICA*

Poster n°74

Auteur

Eric Pante

Liste complète des auteurs - Affiliations

Eric Pante*, Vanessa Becquet, Audrey Rohfrischt, and Pascale Garcia

Littoral, Environnement et Sociétés (LIENSs) UMR 7266 CNRS – Université de La Rochelle, 2 rue Olympe de Gouges 17000 La Rochelle, France

* E-mail: pante.eric@gmail.com; Téléphone: +33.05.46.50.76.37; Fax: +33.05.46.50.76.63.

Résumé

Little is known on the genes and gene interactions involved in inter-population genetic divergence in the context of secondary contact. The marine bivalve *Macoma balthica* has a complex biogeographic history in the NE Atlantic, punctuated by multiple events of trans-arctic invasions and the establishment of secondary contact zones. We used transcriptome-wide DNA sequence data to explore patterns of divergence and selection across divergent *M. balthica* populations, with emphasis on genes involved in mitochondrial processes. Analysis of non-synonymous to synonymous mutation (dN/dS) ratios revealed that up to 5% and 45% of the 752 tested genes were under positive and negative selection (respectively), with genes involved in mitochondrial energy production detected in both categories. Over 87% of genes coding for mitochondrial-targeting proteins were under negative selection. We evaluated potential adaptive protein evolution of the ATP synthase gamma subunit, because strong population differentiation was detected for this gene. A sliding window analysis of dN/dS revealed that this gene, while under strong negative selection overall (dN/dS = 0.08), showed strong positive selection (dN/dS > 2) along a 46-residue fragment (15% of the sequence). This area contains peptide-binding sites that may interact with the epsilon subunit (F1) and the mitochondrial-encoded F0 portion of the ATP synthase F0/F1 complex. Gene ontology terms associated with the mitochondrial machinery and multiple binding activities (including ATP binding) are enriched across populations, many of these terms being also enriched across divergent populations of the copepod *Tigriopus californicus*, a recognized model for the study of early stages of speciation in which mito-nuclear incompatibilities were detected. There is therefore accumulating evidence suggesting that mitochondrial-targeting proteins and their interactions play a role in maintaining population divergence in *M. balthica*.

Mots-clés

Speciation; hybridization; hybrid zone; genetic incompatibilities; selection; ATP synthase

GENOTYPAGE D'ESPECES DIVERGENTES PAR RADSEQ: DE L'INTER-ESPECES A L'INTER-FAMILIAL

Poster n°75

Auteur

Eric Pante et Amelia Viricel

Liste complète des auteurs - Affiliations

Eric Pante^{1*}, Amélia Viricel^{1*}, Régis Debruyn², Delphine Gey², Marie-Catherine Boisselier³, Benoît Simon-Bouhet¹, Sarah Samadi³

1. Laboratoire LIENSs, UMR 7266 CNRS – Université de La Rochelle, La Rochelle

2. Département Systématique et Evolution, UMS 2700 MNHN-CNRS, Muséum national d'Histoire naturelle, Paris

3. Département Systématique et Evolution, UMR 7138 UPMC-IRD-MNHN-CNRS (UR IRD 148), Muséum national d'Histoire naturelle, Paris

*Eric Pante: email: pante.eric@gmail.com, téléphone: 05.46.50.76.37

*Amélia Viricel: email: amelia.viricel@gmail.com, téléphone: 05.46.50.76.48

Résumé

Le séquençage nouvelle génération de l'ADN génomique associé aux sites de restrictions (RADseq) est devenu une approche populaire en génomique des populations, permettant de générer des milliers de SNPs pour un grand nombre d'individus. En revanche, encore peu d'études empiriques ont utilisé le génotypage par RADseq pour répondre à des questions évolutives entre espèces divergentes. A travers deux exemples, nous illustrons l'applicabilité de l'approche de RADseq par simple digestion (sdRADseq) pour effectuer des scans génomiques à plusieurs échelles évolutives. Premièrement, nous présentons l'une des premières études empiriques de RADseq conduites au niveau inter-familial. Ainsi, l'analyse par RADseq (enzyme Not1) de deux espèces de cétacés appartenant à des familles différentes (dauphin commun: Delphinidae; marsouin: Phocoenidae) a révélé que de nombreux loci orthologues peuvent être obtenus à cette échelle taxonomique. En effet, 66% du nombre total de loci génotypés au sein d'une seule espèce étaient aussi présents dans tous les individus de la comparaison inter-familiale. La date de divergence entre ces deux familles de cétacés est récente (estimée à 14 à 19 ma). Nos résultats sont donc en accord avec les conclusions de deux études in silico récentes, prédisant qu'une large proportion des loci devrait être conservée lorsque l'analyse RADseq est conduite au sein de groupes taxonomiques ayant divergé récemment. Notre second modèle biologique est un groupe de coraux profonds, le genre *Chrysogorgia*, pour lequel les marqueurs génétiques de délimitation d'espèces classiques apportent peu de résolution. Des comparaisons morphologie – marqueur mitochondrial suggèrent qu'une seule mutation sur les 700 premiers nucléotides de mtMuts pourrait séparer plusieurs espèces. L'analyse RAD (enzyme Sbf1) suggère que le nombre de sites orthologues diminue très vite au sein ce genre, puisque plus de 95% des loci sont perdus lorsque des individus séparés par une mutation sur mtMuts sont comparés. Des espèces de clades différents au sein du genre, séparés par 11 et 15 mutations sur mtMuts n'ont quasiment aucun loci en commun (0.2% et 0%, respectivement) en utilisant les mêmes paramètres d'analyse. Ces données RADseq permettent donc de guider la délimitation d'espèce de *Chrysogorgia*, mais entre espèces relativement proches. Les deux exemples qui sont présentés démontrent donc l'intérêt du génotypage par RADseq au-delà de l'analyse populationnelle, mais soulignent la nécessité de bien considérer le temps de divergence ainsi que le niveau d'évolution moléculaire spécifique de chaque lignée afin d'obtenir suffisamment de loci orthologues.

Mots-clés

RAD-seq; RAD-tags; gènes orthologues; SNP; délimitation d'espèces; profondeur phylogénétique

A UNIQUE IN VIVO EXPERIMENTAL APPROACH REVEALS METABOLIC ADAPTATION OF THE PROBIOTIC PROPIONIBACTERIUM FREUDENREICHII TO THE COLON ENVIRONMENT.

Poster n°76

Auteur

Sandrine Parayre

Liste complète des auteurs - Affiliations

S. Parayre^{1,2}, T. Saraoui^{1,2,°}, G. Guernec^{3,6,⌘}, V. Loux⁴, J. Montfort³, A. Lecam³, G. Boudry⁵, G. Jan^{1,2} and; H. Falentin^{1,2}

¹ INRA, UMR 1253, Science et Technologie du Lait et de l'OEuf, Rennes, France

² AGROCAMPUS OUEST, UMR1253, Science et Technologie du Lait et de l'OEuf, Rennes, France

³ INRA, UR1037, Laboratoire de Physiologie et Génomique des Poissons, Rennes, France

⁴ INRA, UR1077, Mathématique, Informatique et Génome, Jouy-en-Josas, France

⁵ INRA, UR1341, Alimentation Adaptions Digestives, Nerveuses et Comportementales, Rennes, France

[°] present address IFREMER, Laboratoire de Science et Technologie de la Biomasse Marine, Nantes, France

[⌘] present address INSERM, UMR 1027, Toulouse, France

Résumé

Propionibacterium freudenreichii is a food grade bacterium consumed both in cheeses and in probiotic preparations. Its promising probiotic potential largely relying on active release of beneficial metabolites within the gut as well as expression of key surface proteins involved in immunomodulation, deserves to be explored more deeply. Adaptation to the colon environment is a prerequisite to the active release of propionibacterial beneficial metabolites and constitutes a bottleneck for beneficial bacteria metabolic activity in vivo. Mechanisms allowing *P. freudenreichii* adaptation to digestive stresses have been only studied in vitro so far. Our aim was therefore to study *P. freudenreichii* metabolic adaptation to intra-colonic conditions in situ. We maintained a pure culture of *P. freudenreichii*, contained in a dialysis bag, within the colon of vigilant piglets during 24 hours. A transcriptomic analysis identified the metabolic pathways induced by this environment, in comparison with control propionibacteria maintained in spent culture medium. We observed drastic changes in the catabolism of sugars and amino-acids with a down-regulation of glycolysis, Wood-Werkman cycle and oxidative phosphorylation pathways but induction of specific carbohydrate catabolism and alternative pathways to produce NADH, NADPH, ATP and precursors (utilization of propanediol, gluconate, lactate, purine and pyrimidine and amino-acids). Protein involved in response to stress were down-regulated and genes specifically expressed during cell division were induced, suggesting that *P. freudenreichii* adapted its metabolism to the new conditions encountered in the colon. This study constitutes the first molecular demonstration of *P. freudenreichii* activity and physiological adaptation in vivo within the colon.

Mots-clés

Propionibacterium freudenreichii, adaptation, colon, transcriptomic, pig

IDENTIFICATION OF CRYPTIC STAGES OF MARINE BROWN ALGAE BY DNA BARCODING OF CLONES ISOLATED FROM INCUBATED SUBSTRATUM

Poster n°77

Auteur

Akira F. Peters

Liste complète des auteurs - Affiliations

Akira F. Peters¹, Lucía Couceiro², Alexandre Geoffroy², Frithjof C. Küpper³, Myriam Valero⁴

¹ Bezhin Rosko, F-29250 Santec and FR2424, Station Biologique, F-29682 Roscoff Cedex

² UMR7144, Station Biologique, F-29682 Roscoff Cedex

³ University of Aberdeen, Oceanlab, Newburgh AB41 6AA, Scotland, UK

⁴ UMR7144, Station Biologique, F-29682 Roscoff Cedex

Résumé

Identification of benthic marine algae is usually based on field-collected macroscopic specimens, which excludes minute thalli present in the turf community and the bank of microscopic stages. To include such algae, we have in 2011/12 collected substratum, incubated it in conditions permitting growth, isolated minute thalli of developing brown algae, and identified them by molecular barcoding. Partial 5'-COI sequences (658bp) were obtained for 361 clones (274 from Roscoff, Brittany, 39 from the western, 42 from the eastern Mediterranean, 6 from Jeju Island, Korea). They were compared to published and newly generated sequences of reference taxa. The main results were COI sequences of approximately 77 species of brown algae, 17 of which could be identified due to sequence similarity with reference taxa; detection of three putative new members of the Ectocarpaceae; detection of cryptic species between Atlantic and Mediterranean taxa; detection of variation in COI in common taxa. Current work aims at identifying more of the clones by morphological examination of the cultures. The method employed is also suitable to study algae for which there is only limited access, such as species present in deeper water or at geographically remote locations.

Mots-clés

Brown algae, cryptic stages, barcoding

LA RECONSTRUCTION AUTOMATIQUE DE RÉSEAUX MÉTABOLIQUES FONCTIONNELS

Poster n°78

Auteur

Sylvain Prigent

Liste complète des auteurs - Affiliations

Sylvain Prigent*2, 1, 3, Thierry Tonon 4, 5, Guillaume Collet1, 2, 3, Sven Thiele1, 2, 3, Jeanne Cambefort1, 2, 3, Ludovic Delage4, 5, Simon Dittamy4, 5, Catherine Boyen4, 5 et Anne Siegel1, 2, 3

*sylvain.s.prigent@irisa.fr 02 99 84 22 41

Résumé

L'évolution récente des techniques de séquençage haut-débit permet à la communauté scientifique de séquencer tous les jours plus d'organismes «non-modèles». Une façon d'exploiter ces nombreux génomes est de leur associer des réseaux métaboliques afin de comprendre plus en détail certains aspects de la biologie de ces organismes. Nous présenterons ici une méthode de reconstruction de réseaux métaboliques, axée sur un point de vue «fonctionnel». En effet, l'idée est d'identifier les réactions qui permettent d'appliquer la présence de molécules clef du métabolisme ou de molécules possédant un intérêt particulier dans certaines conditions environnementales, notamment l'adaptation aux stress abiotiques. Pour se faire, après la création d'un premier draft métabolique se basant sur une étude des annotations génomiques et une recherche d'orthologie, notre méthode repose sur une étape de «gap-filling» automatisée. Celle-ci permet d'améliorer la qualité du réseau en reconstruisant plus précisément des voies métaboliques particulières permettant la production de molécules d'intérêt. Une fois le réseau reconstruit, celui-ci peut être utilisé pour étudier des processus physiologiques liés à l'adaptation et/ou l'acclimatation à des contraintes abiotiques. De plus, le processus de reconstruction peut aider à la ré-annotation fonctionnelle de génome. Il pourra corriger ou compléter les informations associées aux gènes et aux protéines d'un organisme donné. Nous avons appliqué cette méthode pour la reconstruction d'un réseau métabolique d'*Ectocarpus siliculosus*, une algue brune soumise à de fortes contraintes abiotiques dans son habitat, la zone de balancement des marées. En se basant sur un exemple concret de métabolisme important chez cette algue, le cycle du mannitol, nous montrerons les différentes étapes de reconstruction liées à notre méthode, ainsi que les résultats obtenus, notamment pour la ré-annotation de certains gènes associés à ce métabolisme.

Mots-clés

Bioinformatique, Réseaux métaboliques, Biologie des systèmes

LA PHYLOGENIE MOLECULAIRE EN PANNE SUR LE CHEMIN DES CLASSIFICATIONS ?

Poster n°79

Auteur

Nicolas PULLANDRE

Liste complète des auteurs - Affiliations

N. Puillandre*, C. Bonillo, P. Bouchet, J. Brisset, B. Buge, L. Corbari, M.-C. Dubayle, D. Gey, S. J. Lambourdière, Le Prieur, S. Samadi, J. Thubaut, J. Utge, D. Zuccon.*

“Systématique, Adaptation et Evolution”, UMR 7138 UPMC-IRD-MNHN-CNRS (UR IRD 148), Muséum National d’histoire Naturelle, Département Systématique et Evolution, CP 26, 57 Rue Cuvier, F-75231 Paris Cedex 05, France.

puillandre@mnhn.fr

Résumé

Les classifications sont des constructions qui permettent de communiquer sur l’entité, les propriétés et les attributs des taxons : le nom est l’outil central de ces constructions. Depuis la révolution hennigienne, les classifications tentent de traduire de manière objective et réfutable les relations de parenté mises en évidence dans les arbres phylogénétiques. Depuis la révolution moléculaire, la production d’arbres – et donc d’hypothèses phylogénétiques nouvelles – connaît un succès phénoménal. Beaucoup cependant ne débouchent pas sur de nouvelles classifications ; la publication des résultats se prête à la discussion sur la robustesse des nœuds et à la mono-, para- ou polyphyly des taxons discutés : la phylogénie moléculaire tombe bien souvent en panne sur le chemin des classifications. Il faut y voir en partie l’effet de prudence scientifique justifiée, mais sans doute davantage la méconnaissance des outils et méthodes qui régissent l’établissement des classifications. En présentant deux exemples issus des travaux de notre équipe (en partie obtenus grâce au projet «Bibliothèque Du Vivant») - la superfamille des Conoidea (Gastropoda) et la sous-famille des Bathymodiolinae (Bivalvia, Mytilidae), nous montrons le processus qui conduit de la phylogénie moléculaire à la classification. Ce processus s’appuie sur des règles, issues d’une part de l’approche phylogénétique (par exemple, les noms ne sont pas appliqués à des groupes para- ou polyphylétiques) et d’autre part du Code International de Nomenclature Zoologique (par exemple, la règle de priorité s’applique si plusieurs noms sont disponibles; les noms sont attribués en fonction de la position des taxons-types dans l’arbre). La question des rangs est la moins consensuelle, et reste une source de stabilité des classifications.

Mots-clés

Phylogénie moléculaire, classification, Conoidea, Bathymodiolinae

Poster n°80

Auteur

Nicolas Puillandre

Liste complète des auteurs - Affiliations

Philippe Bouchet, Laure Corbari, Sarah Samadi, Charlotte Schoelinck, Nicolas Puillandre*.

* "Systématique, Adaptation et Evolution", UMR 7138 UPMC-IRD-MNHN-CNRS (UR IRD 148), Muséum National d'histoire Naturelle, Département Systématique et Evolution, CP 26, 57 Rue Cuvier, F-75231 Paris Cedex 05, France.

puillandre@mnhn.fr

Résumé

La délimitation des espèces repose sur des méthodes les plus objectives et répétables possibles - et on convient généralement d'attribuer ces qualités à la taxonomie intégrative, ce qui en fait une démarche scientifique. Les noms servent ensuite à désigner les espèces (et/ou les taxons d'autres rangs) ainsi délimitées. Depuis la deuxième moitié du 19^{ème} siècle, les types porte-nom, ou holotypes, établissent un lien en principe objectif entre le monde réel des individus de la nature et le monde virtuel des noms, établis arbitrairement par les naturalistes. Contrairement aux images caricaturales et déformées véhiculées sur la nomenclature zoologique, les holotypes ne sont pas des spécimens typiques d'une espèce : ce sont des porte-noms auxquels sont applicables toutes les analyses taxonomiques qui conduisent à les placer avec un groupe de spécimens qui considère conspécifiques et qui porteront le même nom que lui. Les caractères moléculaires apportent aux délimitations d'espèces une robustesse souvent sans précédent dans l'histoire de la taxonomie, mais l'application des noms reste contrainte par les types porte-noms hérités de la systématique morphologique. Un hologénophore est en même temps un holotype - un spécimen porte-nom - et un spécimen séquencé - donc intégrable dans les jeux de données moléculaires. Cette nouvelle génération d'holotypes est timidement en train de s'établir comme standard lorsque la taxonomie intégrative débouche sur la description d'espèces nouvelles. Il reste les deux millions d'espèces déjà nommées - et dont les holotypes échappent le plus souvent aux possibilités d'analyse moléculaire. Les bactériologistes ont fait leur révolution nomenclaturale tout moléculaire en 1980. Les botanistes ont établi le concept d'épitype - qui vient compléter un holotype dont la fonction de porte-nom est défaillante. Les zoologistes peinent encore à trouver leur voie. A l'aide de plusieurs exemples issus de nos travaux sur les crustacés, les mollusques et les monogènes parasites, réalisés en partie dans le cadre du projet BdV, les différents problèmes liés à l'application des noms aux espèces «moléculaires», et à leurs descriptions sont discutés.

Mots-clés

Holotype, taxonomie intégrative, séquences, description

EXPLORER LA DIVERSITE ET LA PLASTICITE DU REGIME ALIMENTAIRE D'UNE POPULATION DE PRIMATES A L'ECHELLE D'UN PAYSAGE HETEROGENE : AVANTAGES ET LIMITES DE L'APPROCHE DE METABARCODING.

Poster n°81

Auteur

Erwan Quéméré

Liste complète des auteurs - Affiliations

Quéméré E1,2, Hibert F3, Miquel C4, Lhuillier E1, Rasolondraibe E5, Champeau J1, Salmons J3, Nusbaumer L6, Gauthier L6, Crouau-Roy B1, Taberlet P4, Chikhi L1,3;

1 UMR5174 CNRS/UPS EDB «Evolution et Diversité Biologique», Bâtiment 4R3 b2, Université Paul Sabatier, 118 route de Narbonne, 31062 Toulouse cedex 9, France.

2 INRA, UR035 CEFS «Comportement et Ecologie de la Faune Sauvage», F-31326 Castanet Tolosan, France.

3 Instituto Gulbenkian de Ciência, Rua da Quinta Grande, nº6, 2780-156 Oeiras, Portugal

4 UMR5553 CNRS/UJF «Laboratoire d'Ecologie Alpine», Université Joseph Fourier, BP53, 38041 Grenoble cedex 9, France

5 Université de Mahajanga, Faculté des Sciences, Campus Universitaire Ambondrona, Mahajanga, Madagascar

6 Conservatoire et Jardin botaniques de la Ville de Genève, Case Postale 60, CH-1292 Chambésy/GE, Switzerland

Résumé

En milieu tropical, la plupart des espèces évoluent au sein de mosaïques paysagères complexes façonnées par les activités anthropiques et doivent faire face à des profonds changements dans la distribution et la composition de leurs habitats. C'est le cas d'une grande majorité des primates dont la survie dépend fortement de leur plasticité en terme de comportement alimentaire et notamment de leur capacité à exploiter les ressources offertes dans ces nouveaux habitats. Or on ne connaît que très peu de choses sur la flexibilité des régimes alimentaires des primates car la plupart des études portent sur un unique groupe d'individus à une échelle locale. Une des raisons à cela est que l'acquisition de données sur l'alimentation par observation directe est fastidieuse, demande une importante expertise taxonomique et reste impossible pour un grand nombre d'espèces nocturnes et/ou cryptiques. Nous montrerons au cours de cet exposé comment l'émergence des nouvelles techniques de séquençage haut-débit combinée à l'expansion des méthodes d'identification code-barres ADN permet désormais d'obtenir des données précises sur les plantes consommées pour des centaines d'individus simultanément à partir de l'ADN présent dans leurs fèces et donc d'évaluer la diversité et la plasticité des régimes alimentaires à de larges échelles spatiales et temporelles. Nous montrerons comment ce type d'approche dites de "métabarcoding alimentaire" (Taberlet et al. 2012) nous a permis de caractériser l'importante diversité du régime alimentaire d'une espèce menacée de lémurien mais également d'illustrer l'influence de l'hétérogénéité de son habitat ;(ouverture et type de forêt) sur la variabilité de son régime ;à l'échelle de l'ensemble de son aire de distribution (Quéméré et al.2013). Nous illustrerons également l'importance de la constitution d'une base locale de référence de code-barres ADN ; ainsi que de l'apport précieux des taxonomistes dans notre étude. Enfin nous discuterons de quelques limitations de cette d'approche en proposant quelques perspectives.

Références bibliographiques

Quéméré E, Hibert F, Miquel C, Lhuillier E, Rasolondraibe E, Champeau J, Salmons J, Nusbaumer L, Chatelain C, Gauthier L, Crouau-Roy B, Taberlet P, Chikhi L. (2013) A DNA metabarcoding study of a primate dietary diversity and plasticity across its entire fragmented range. PLoS ONE 8(3): e58971. doi:10.1371/journal.pone.0058971.

Taberlet P, Coissac E, Pompanon F, Brochmann C, & Willerslev E (2012) Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. Mol Ecol 21(8):2045-2050.

Mots-clés

Régime alimentaire, DNA Metabarcoding, Illumina, Primate, Fragmentation

ISOLATION AND CHARACTERIZATION OF SNPS FROM THE GENOME OF IXODES RICINUS

Poster n°82

Auteur

Elsa Quillery

Liste complète des auteurs - Affiliations

Elsa Quillery ; Olivier Plantard

UMR 1300 INRA-ONIRIS Biologie, Epidémiologie et Analyse de Risque en santé animale (BioEpAR). Ecole Nationale Vétérinaire, Agroalimentaire et de l'Alimentation, Nantes-Atlantique, Atlanpole - La Chantrerie. B.P. 40706, F- 44307 Nantes cedex 03, France

Résumé

Assessment of tick movements is particularly important for the understanding of the eco-epidemiology of tick-borne-diseases and for the design of control methods against this vector and transmitted pathogens. Tick dispersal is mainly due to host movements. However, because of the high diversity of *Ixodes ricinus* hosts, to which is associated a wide range of dispersal abilities (ranging from a few meters for rodents to hundred of kilometers for birds) and of the unknown relative contribution of the different host species in tick feeding, estimating tick dispersal is a particularly challenging task. Moreover, capture-mark-recapture methods cannot be used for those small animals with their growth interrupted by molting. Thus, population genetics - through the assessment of gene flow -; provides a particularly valuable tool to estimate tick dispersal. Unfortunately, the microsatellite loci - considered as the most powerful markers for populations genetics studies due to their hypervariable and co-dominant features - developed until now for *I. ricinus* exhibit heterozygous deficiency and null alleles that are harmful for any population genetics investigations. To circumvent this caveat, we have developed a set of 384 SNPs (Single Nucleotide Polymorphism). The genotyping of those bi-allelic markers is unambiguous and straightforward and the large number of loci allows a wide coverage of the polymorphism in the whole *I. ricinus* genome. Because of the scarcity of genomic resources for *I. ricinus*, we have conducted a partial sequencing of its genome to isolate SNPs. Among the 1,2 millions of reads obtained (average length 540 bp), SNPs were isolated using an original bioinformatic method. A set of three primers have been designed for each individual SNP locus. Finally, a Fluidigm array was used to allow the genotyping of individual ticks on 384 different SNPs. Five hundred questing nymphs - individually georeferenced - collected in a landscape (including forests, hedges and pastures) from western France were genotyped. The analysis of the variability of tick populations with landscape genetics tools will be discussed. Moreover, each genotyped ticks is also analyzed to identify the host used for its previous blood meal and *Anaplasma phagocytophilum*, *Borrelia burgdorferi* as well as *Babesia divergens* are looked for and characterized molecularly. It will thus possible to investigate potential associations of tick genotypes with particular hosts, pathogens or biotope.

Mots-clés

Ixodes ricinus, SNP, 454, de novo SNP calling, organisme non-modèle, génétique des populations

PHYLOGENIE DU GENRE RICCARDIA (ANEURACEAE) ET HYPOTHESES BIOGEOGRAPHIQUES A LARGE ECHELLE

Poster n°83

Auteur

Lucile Rabeau

Liste complète des auteurs - Affiliations

Lucile Rabeau¹, Dietmar Quandt², Jean-Yves Dubuisson³, Catherine Reeb³

¹ Muséum National d'Histoire Naturelle, Département Systématique et Évolution, UMR 7205, 57, Rue Cuvier 75231, Paris, France.

llucille@hotmail.fr

² Nees-Institut für Biodiversität der Pflanzen 53115 – Bonn

³ Muséum National d'Histoire Naturelle et UPMC, UMR 7207, 57, Rue Cuvier 75231, Paris, France

Résumé

Le genre d'uc0éatiques à thalle *Riccardia* (Aneuraceae) est représenté à l'échelle mondiale par 280 espèces, nombre probablement surestimé à cause d'un fort degré de synonymie (Furuki, 1991; Preussing et al., 2010). 223 spécimens ont été séquencés, représentant environ 50 espèces distribuées sur les six continents. Les identifications, toujours délicates dans ce genre du fait de la plasticité morphologique des thalles (Jones, 1956; Schuster, 1964; Hewson, 1970), ont été vérifiées avant et après les analyses phylogénétiques. Les marqueurs chloroplastiques *rps4* et *trnL-F* ont été utilisés, comme précédemment proposé dans la seule phylogénie de la famille incluant des *Riccardia* (Preussing et al., 2010). L'analyse phylogénétique a été menée en utilisant le critère de maximum de parcimonie, implémenté sous PAUP. L'analyse des deux marqueurs pris indépendamment ainsi que de leur combinaison a confirmé la monophylie du genre, mais pas celle des sous-genres ni des sections traditionnellement décrits (Hassel de Menendez, 1972; Schuster, 1987; Furuki, 1991). Leur validité systématique peut sans doute être remise en cause. Certains clades représentant de grands ensembles bio-géographiques sont mis en évidence, comme les clades africains et sud-américains, très bien soutenus. La référence de l'origine géographique des spécimens a été optimisée sous Mesquite et l'hypothèse d'une origine néotropicale du genre est proposée. L'optimisation de nouveaux caractères morpho-anatomiques associée à un enrichissement de notre échantillonnage nous permettra de mieux appréhender les modèles évolutifs pour ce genre.

Références bibliographiques

FURUKI, T. (1991) — A taxonomical revision of the Aneuraceae (Hepaticae) of Japan, *J Hattori Bot Lab* 70 : 293-397. HASSEL DE MENENDEZ, G. G. (1972) — Revision Taxonomica del Genero *Riccardia* (Hepaticae), *Botanica IV*(1) : 1-242. HEWSON, H. J. (1970) — The family Aneuraceae in Australia and New Guinea : the genus *Aneura*, *Proc Linn Soc NSW* 94 Part2 : 174-193. JONES, E. (1956) — The genus *Riccardia*; in Tropical Africa, *Trans Brit Bryol Soc* 3 : 74-84. PREUSSING, M., OLSSON, S., SCHÄFER-VERKIMP, A., WICKETT, N., WICKE, D. & NEBEL, M. (2010) — New insights of the evolution of the liverwort family Aneuraceae (Metzgeriales, Marchantiophyta), with emphasis on the genus *Lobatiriccardia*, *Taxon* 59(5) : 1424-1240. SCHUSTER, R. (1964) — Studies on antipodal Hepaticae, 4. Metzgeriales., *J Hattori Bot Lab* 27 : 183-216. SCHUSTER, R. M. (1987) — Studies on Metzgeriales. I. North American Aneuraceae, *J Hattori Bot Lab* 62 : 299-329. STECH, M. & QUANDT, D. (2010) — 20,000 species and five key markers: The status of molecular bryophyte phylogenetics, *Phytotaxa* 9 : 196-228.

Mots-clés

Phylogénie, Marchantiophyta, Aneuraceae, hépatiques

ARTHEMIS DB : A NEW DATABASE FOR THE IDENTIFICATION OF ARTHROPOD SPECIES.

Poster n°84

Auteur

Jean-Yves Rasplus

Liste complète des auteurs - Affiliations

Arthemis collaborators123456

1 INRA - UMR 1062 CBGP (INRA/IRD/CIRAD/SupAgro) Montferrier-sur-Lez, France.

2 ANSES – LSV, unité entomologie et plantes invasives, CBGP, Montferrier-sur Lez, France.

3 INRA – UR 0633 Zoologie Forestière, Orléans, France

4 INRA – UMR 1099 BiO3P, Rennes France

5 INRA – UMR 1355 ISA, Sophia Antipolis, France

6 MNHN - UMR 7205 (CNRS), Département de Systématique & Evolution, Paris, France.

Résumé

We introduce Arthemis database and its associated web interface for the identification of Arthropod species (<http://arthemisdb.supagro.inra.fr>). We started uploading the 30,000 DNA sequences of various markers generated during the @-speed-ID and BdV projects. In the next months, the relational database developed using the software Biologics (Bioaware) will contain about 50,000 sequences from about 6000 species of Coleoptera, Hymenoptera, Hemiptera, Lepidoptera, Neuroptera, Diptera and Acari either pests, parasitoids, quarantine for Europe or collected during biodiversity inventories. Users can query the database from the website for information about species taxonomy, biology (e.g. host range), distribution, iconography and specimens storage and collection information (sampling sites have been mapped on Google Earth). A BLAST search enabling users to compare a query sequence with the barcode library to get identification is also available on the website.

Mots-clés

Database, barcoding, species identification, taxonomy, biology, pests, parasitoid, arthropod

UNE ANALYSE MULTI-GENE PERMET DE DISCRIMINER LES ESPECES AFRICAINES D'HEPATIQUE A THALLE DU GENRE RICCARDIA (ANEURACEAE).

Poster n°85

Auteur

Catherine Reeb

Liste complète des auteurs - Affiliations

Catherine Reeb¹, Nicolas Puillandre²

¹ Muséum National d'Histoire Naturelle, Département Histoire de la Terre, UMR 7207, 57, Rue Cuvier 75231, Paris, France. reeb@mnhn.fr;

² Muséum National d'Histoire Naturelle, Département Systématique et Évolution, UMR 7138, 43, Rue Cuvier 75231, Paris, France

Résumé

La systématique du genre *Riccardia* (Embryophyta, Marchantiophyta, Aneuraceae) est réputée difficile, notamment à cause de la plasticité morphologique des thalles, qui rend délicate la définition de caractères fiables pour décrire et identifier les espèces. Comme l'écrit E.W. Jones dans les années soixante «...it is not to be expected that any treatment of the African species can be anything more than tentative». Une révision du genre *Riccardia* pour l'Afrique a été entreprise, s'appuyant sur une approche de taxonomie intégrative basée sur des caractères morphologiques et moléculaires. Plus de 500 séquences ont été générées à partir de 360 spécimens africains, représentant dix espèces décrites et cinq morphogroupes non décrits. L-DNA a été extrait, amplifié et séquencé pour 3 marqueurs chloroplastiques (*matk*, *psba-trnH*, *trnL-F*) et un marqueur nucléaire (*ITS2*), avec un succès variable selon les marqueurs. Les analyses phylogénétiques ont été réalisées pour chaque marqueur indépendamment et sur plusieurs combinaisons (e.g. *psba-trnH*+*trnLF*, *ITS2* + les trois marqueurs chloroplastiques). Les premiers résultats montrent que (1) seule une espèce décrite est retrouvée dans les analyses moléculaires (*R. compacta*), (2) plusieurs espèces décrites sont dispersées dans plusieurs lignées moléculaires, suggérant l'existence de plusieurs espèces cryptiques (e.g. *R. amazonica*), (3) les morpho-groupes non décrits sont retrouvés de façon identique par les analyses moléculaires, confirmant la présence d'espèces non décrites en Afrique. Nos données reflètent la complexité de la taxonomie du genre et font émerger plusieurs hypothèses, qui, associées à une réinterprétation de la morphologie, vont permettre de délimiter avec plus de précision les espèces africaines de *Riccardia*.

Références bibliographiques

HASSEL, K., S. R. & EKREM, T. (2013) — Restricted variation in plant barcoding markers limits identification in closely related bryophyte species, *Mol Ecol Resour*, on line early. doi:10.1111/1755-0998.12074. JONES, E. (1956) — The genus *Riccardia* in Tropical Africa, *Trans Brit Bryol Soc* 3 : 74-84. LIU, Y., YAN, H.-F., CAO, T. & GE, X. (2010) — Evaluation of 10 plant barcodes in Bryophyta (Mosses), *J Syst Evol*; 48(1) : 36-46. MEENKS, J. & POCS, T. (1985) — East African Bryophytes IX. Aneuraceae, *Abstr Bot* 9 : 79-98. PREUSSING, M., OLSSON, S., SCHÄFER-VERKIMP, A., WICKETT, N., WICKE, D. & NEBEL, M. (2010) — New insights of the evolution of the liverwort family Aneuraceae (Metzgeriales, Marchantiophyta), with emphasis on the genus *Lobatiriccardia*, *Taxon* 59(5) : 1424-1440.

Mots-clés

Barcoding, bryophytes, hépatiques, Afrique, délimitation des espèces

DYNAMIQUE SPATIO-TEMPORELLE D'UN AGENT PATHOGENE EMERGEANT RETRACEE A L'AIDE DE L'APPROCHE ABC (APPROXIMATE BAYSIAN COMPUTATION)

Poster n°86

Auteur

Olivier Rey

Liste complète des auteurs - Affiliations

Rey Olivier1#*, Fourtune Lisa2*, Paz-Vinas Ivan2*, Loot Géraldine1,3, Veyssière Charlotte1, Roche Benjamin4, Blanchet Simon1,2#;

1 Station d'écologie Expérimentale du CNRS à Moulis, USR 2936, 09 200 Moulis, France.

2 CNRS, UPS, ENFA, évolution & Diversité Biologique (EDB) UMR 5174, 118 Route de Narbonne, 31062 Toulouse, Cedex 9, France

3 Université Paul Sabatier, EDB, 31062 Toulouse, Cedex 9, France

4 IRD, UPMC, Unité de Modélisation Mathématique et Informatique des Systèmes Complexes (UMMISCO), 32, avenue Varagnat, 93143 Bondy Cedex, France

Résumé

L'émergence de nouveaux pathogènes constitue une sérieuse menace pour l'Homme et pour la biodiversité. La compréhension des facteurs écologiques et évolutifs sous-jacents à l'émergence des pathogènes passe en partie par la connaissance de leurs dynamiques spatio-temporelles. En particulier il est important de distinguer si la présence de pathogènes émergents résulte de l'expansion de populations initialement présentes en moindre densité (i.e. espèce locale) ou de l'introduction de populations non-native. Dans cette étude, nous avons utilisé l'approche ABC (i.e. Approximate Bayesian Computation) afin de déterminer le statut (i.e. local ou non-natif) et de retracer la dynamique spatio-temporelle de *Tracheliastes polycolpus*, un ectoparasite copépode récemment identifié en France qui affecte plusieurs espèces de poissons d'eau douce. Dans un premier temps, la structure génétique actuelle des populations de *T. polycolpus* a été identifiée à l'échelle nationale à l'aide d'analyses de génétique des populations sur la base de 16 marqueurs microsatellites. Plusieurs scénarios de dynamique spatio-temporelle du pathogène ont ensuite été simulés et testés en utilisant l'approche ABC sur la base de la structure génétique identifiée précédemment. Nos résultats suggèrent fortement que les populations de *T. polycolpus* en France sont issues de l'introduction d'une vingtaine d'individus provenant d'une même population source dont l'origine reste cependant inconnue. Nous montrons que ces individus ont été introduits dans le bassin de la Loire dans les années 1920 et sont à l'origine d'une population couvrant aujourd'hui plusieurs bassins versants du centre de la France. Des événements de migration à partir de cette population initiale ont permis à *T. polycolpus* de coloniser des régions périphériques au Nord et au Sud-Ouest de la France dans les années 1930. Ces résultats illustrent la pertinence de l'utilisation des méthodes ABC pour retracer la dynamique spatio-temporelle de pathogènes peu documentés. Cette étude constitue une base sur laquelle est bâti un projet actuellement en cours, visant à comprendre les bases génomiques des réponses adaptatives des populations de poissons face à la nouvelle pression parasitaire exercée par *T. polycolpus*.

Mots-clés

Pathogène émergents; dynamic spatio-temporelle; Approximate Bayesian Computation; génétique des populations

A PLASTIDIAL 16S RRNA DATABASE FOR EXPLORING THE ENVIRONMENTAL DIVERSITY OF PHOTOSYNTHETIC EUKARYOTES USING A METABARCODING APPROACH

Poster n°87

Auteur

Sarah Romac

Liste complète des auteurs - Affiliations

Johan Decelle, Sarah Romac, Stéphane Audic, Daniel Vaultot and the Roscoff Culture Collection, Colomban de Vargas

Résumé

Photosynthetic eukaryotes that arose and diversified through different endosymbiotic events hold key roles in diverse ecosystems of the biosphere. They occupy different major eukaryotic lineages and exhibit a very large morphological diversity. In the ocean, photosynthetic eukaryotes, traditionally called phytoplankton, are significant players in trophic networks and global biogeochemical processes, structuring and sustaining one of the largest ecosystems on earth. High-throughput sequencing of phylogenetic markers (metabarcoding) is now an enticing approach to explore diversity and ecology of phytoplankton in the environment. Yet, this molecular method relies on reference sequences from isolated and identified organisms for a thorough assignation of environmental barcodes. Here, we built an extensive database of the plastidial 16S rRNA gene from different eukaryotic lineages. To do so, we obtained sequences from the GenBank nucleotide database (excluding environmental sequences), and from >200 cultured phytoplankton strains of the Roscoff Culture Collection by PCR amplifications. Sequences of terrestrial and freshwater eukaryotes, but also from some cyanobacteria (n = 60) were also included. In total, the database contains about 1000 sequences of the 16S rRNA that were subjected to alignment and phylogenetic analyses to carefully checked putative errors and taxonomic conflicts. A wide diversity of eukaryotic lineages is represented: Apicomplexa (12 sequences), Apicomplexa-like (12), very few dinoflagellates because of their very fast-evolving plastid genes (12), Diatoms (158), Bolidophyceae/Parmales (14), Dictyochophytes (28), Pelagophytes (47), Raphidophytes (18), Phaeophytes (5), Pinguiphytes (7), Chrysophytes (18), Eustigmatophytes (5), Haptophytes (126), Cryptophytes (56), Euglenophytes (52), Chlorophytes (237), Streptophytes (44), Glaucophytes (4), Chlorachniophytes (15), Rappemonads (6) and Rhodophytes (76). Although it can be slightly less resolutive than other group-specific barcodes (e.g. 28S rRNA, rbcL), the plastidial 16S rRNA turns to be a very promising barcode to have a rapid and global view of photosynthetic organisms in the environment. This database that will be regularly updated by new sequences will be publicly available through a web interface.

Mots-clés

Database, plastidial 16S, metabarcoding, eukaryotes, phytoplankton

INTEGRATION DES APPROCHES METAGENOMIQUES DANS L'ETUDE DE LA DIVERSITE FORESTIERE : METABARCODING DES COLEOPTERES SAPROXYLIQUES

Poster n°88

Auteur

Rodolphe Rougerie

Liste complète des auteurs - Affiliations

Rodolphe Rougerie (1), Christophe Bouget (2) & Carlos Lopez-Vaamonde (1)

(1) INRA, URZF, Orléans

(2) IRSTEA, Nogent-sur-Vernisson

Résumé

Les coléoptères saproxyliques – associés au bois mort ou à d'autres insectes, champignons et microorganismes qui le décomposent – jouent un rôle majeur dans les cycles biogéochimiques des écosystèmes forestiers. Ils sont les agents d'importants services écosystémiques et sont régulièrement utilisés comme indicateurs biologiques. Sur le seul territoire français, où le présent projet est réalisé, ces insectes comptent environ 2500 espèces réparties dans 71 familles. Pour le suivi à large échelle des communautés de ces insectes, une telle diversité représente un véritable défi en termes de tri et d'identification du matériel collecté. Un seul piège d'interception, tel qu'utilisé classiquement, peut en effet produire plusieurs centaines et même des milliers d'individus. Dans le cadre du projet PASSIFOR, nous développons une approche de «métabarcoding;ADN» mettant à profit les capacités analytiques des NGS (Nouvelles Générations de Séquenceurs) pour faciliter et améliorer le suivi de la diversité des coléoptères saproxyliques en tant qu'indicateurs. Notre étude utilise la technologie Illumina® Mi-Seq pour documenter la diversité spécifique d'échantillons totaux («soupes d'individus») résultant de pièges d'interception. Différentes conditions expérimentales sont testées pour étudier leur impact sur l'efficacité de notre approche, notamment l'effet de la richesse totale de l'échantillon, de l'abondance et de la biomasse relative des espèces, ou encore des méthodes de collecte et de préservation des échantillons. L'identification moléculaire des espèces est rendue possible par l'utilisation de bases de données publiques existantes et par la construction d'une nouvelle librairie de référence associant les séquences de codes-barres ADN et les identifications taxinomiques d'experts pour environ 580 espèces européennes (855 spécimens échantillonnés dans 47 familles). Applicable à large échelle, cette approche ouvre de nouvelles perspectives de recherche utilisant ces insectes comme indicateurs forestiers.

Mots-clés

Metabarcoding, coléoptères saproxyliques, codes-barres ADN, diversité forestière, identification

Poster n°89

Auteurs

Rodolphe Rougerie

Liste complète des auteurs - Affiliations

Rodolphe Rougerie(1) Mehrdad Hajibabaei(2) Shady Shokrala(2) Jeremy Dondeyne(3) Marluca Martins(4) Alex Feijo(5) Yeimmy Andrea Cuellar Criollo(6) Diego Bonilla(7) Patrick Lavelle(8) Thibaud Decaëns(3)

(1) UR633 Zoologie Forestière, INRA Orléans, France

(2) Biodiversity Institute of Ontario, Department of Integrative Biology, University of Guelph, Canada

(3) Laboratoire ECODIV, UFR Sciences et Techniques, Université de Rouen, France

(4) Museu Paraense Emilio Goeldi, Belém, Para, Brésil

(5) Universidad Nacional de Pereira, Pereira, Colombie

(6) Universidad de la Amazonia, Florencia, Colombie

(7) Insectos de Colombia, Yopal, Colombie

(8) IRD-CIAT, Cali, Colombie

Résumé

Les Lépidoptères sont l'un des ordres d'insectes les plus diversifiés avec plus de 160,000 espèces décrites. Cette diversité, leur abondance et leurs relations étroites avec leurs plantes-hôtes en font d'intéressants indicateurs écologiques. Malheureusement, l'expertise taxonomique rare et incomplète de ces insectes limite souvent leur étude à celle des papillons diurnes. La vaste majorité des espèces est en effet difficile ou même impossible à identifier, tout particulièrement dans les régions intertropicales où de nombreuses espèces sont encore non décrites et où des familles entières sont orphelines de spécialistes. Au cours des 10 dernières années, le développement d'une librairie globale de codes-barres ADN pour la faune mondiale des Lépidoptères a considérablement modifié l'accès à leur identification spécifique, ouvrant de nouvelles perspectives de recherche pour les systématiciens, les écologistes ou les biologistes de la conservation. Lors de cette présentation, j'introduirai brièvement la librairie de référence de codes-barres ADN pour les Lépidoptères. Cette librairie est la plus avancée à ce jour et compte déjà près de 750,000 séquences pour plus de 75,000 espèces. Je présenterai ensuite l'exemple d'une étude écologique réalisée le long d'un gradient de déforestation en Amazonie, avec pour objets d'étude deux familles de papillons, les Saturniidae et les Sphingidae. Pour plus de 1,700 spécimens collectés, nous avons utilisé une approche de type métabarcoding par pyroséquençage (Roche-454) pour chacune des 54 fermes échantillonnées le long du transect. Ces résultats sont comparés à ceux obtenus par une identification morphologique des spécimens, et discutés à la lumière d'un contrôle des identifications par séquençage Sanger. Cette étude démontre le potentiel de l'utilisation des NGS dans une approche de la biodiversité de type métabarcoding pour des problématiques écologiques ou de biologie de la conservation. L'identification précise des espèces grâce à la librairie de référence permet d'accéder aux données associées à ces noms d'espèces dans la littérature et dans des bases de données, comme la distribution géographique ou les plantes-hôtes.

Mots-clés

Métabarcoding, codes-barres ADN, Lépidoptères, identification spécifique, écologie, déforestation, Amazonie

ETUDE DE L'IMPACT DE L'EPIDEMIE EMERGENTE EBOLA SUR LA VARIABILITE ADAPTATIVE DES GORILLES DE PLAINES DE L'OUEST GRACE A UNE METHODE ALTERNATIVE AU SEQUENCAGE A HAUT DEBIT

Poster n°90

Auteur

Hélène Rousseau

Liste complète des auteurs - Affiliations

Hélène Rousseau, Dominique Vallet, Eric Petit, Nelly Ménard, Pascaline Le Gouar;

a: UMR UR1/CNRS 6553 EcoBio, équipe PaysaClim, station biologique, 35780 Paimpont

b: UMR UR1/CNRS 6553 EcoBio, équipe StratEvo, station biologique, 35780 Paimpont

Résumé

Les maladies infectieuses émergentes représentent une menace majeure pour la conservation de la biodiversité. Ces maladies peuvent, via la baisse d'effectif des populations infectées, avoir des conséquences négatives sur leurs caractéristiques génétiques. Les épidémies jouent également un rôle direct dans l'adaptation et l'évolution des populations en exerçant une forte pression de sélection. Cependant, la distinction entre les causes sélectives et démographiques sur la diversité génétique de populations subissant des perturbations est rendue difficile par les effets confondants de ces deux processus. Afin d'étudier les effets relatifs de ces deux processus, le complexe majeur d'histocompatibilité (CMH) est un bon candidat étant donné que c'est un complexe sélectionné aux fonctions bien connues. Lors de cette étude, nous cherchons à déterminer et caractériser l'impact de l'épidémie Ebola sur le potentiel évolutif de deux populations de gorilles des plaines de l'est en République du Congo. La comparaison de la variabilité génétique du CMH avec celle de marqueurs neutres permettra donc de conclure sur l'impact sélectif ou démographique de la maladie Ebola. Nous avons utilisé des échantillons non-invasifs (fèces) provenant de deux populations situés sur deux sites distincts et couvrant les périodes pré et post-Ebola. L'échantillonnage non invasif permet d'effectuer des études génétiques sur des populations sauvages sans avoir à les manipuler mais fournit généralement de l'ADN dégradé. Ceci est problématique dans l'étude de la variabilité du CMH qui s'effectue classiquement par l'amplification de fragments de plus de 400 bp. Récemment plusieurs auteurs ont proposé l'utilisation de marqueurs microsatellites liés au CMH pour haplotyper un grand nombre d'individus. Ainsi, nous avons mis en place un protocole d'haplotypage de l'exon 2 de la sous-région DRB du CMH classe II via l'utilisation d'un marqueur microsatellite lié. Il est également à noter que cet exon 2, ainsi que le microsatellite associé, peut être dupliqué jusqu'à 4 fois chez le gorille. Afin de s'assurer de la fiabilité du protocole d'haplotypage, nous avons également utilisé les techniques de séquençage haut-débit pour étudier la variabilité des séquences de l'exon 2 de 30 individus et la de comparer à celle du microsatellite associé.

Mots-clés

Crash démographique, Echantillonnage non invasif, Effets sélectifs, Haplotypage

FUNGAL COMMUNITY STRUCTURE IN ALPINE CUSHION PLANT FOLLOWS THE GENETIC SIMILARITY RULE.

Poster n°91

Auteur

Julien Roy

Liste complète des auteurs - Affiliations

Roy J ¹, Albert C H ^{1, §}, Choler P ^{1, 2}, Clément J-C ¹, Ibanez S ^{1, £}, Lavergne S ¹, Saccone P ^{1, †}, Zinger L ¹, Geremia R A ¹

1 Laboratoire d'Ecologie Alpine, UMR CNRS-UJF 5553, Université de Grenoble, Grenoble, France

2 Station Alpine J. Fourier, UMS CNRS-UJF 3370, Université de Grenoble, Grenoble, France

§ McGill University, Department of Biology, Montreal, Quebec, Canada

£ Laboratoire d'Ecologie Alpine, UMR CNRS-UJF 5553, Université de Savoie, Chambéry, France

† Present affiliation: Department of Biology, University of Oulu, Box 3000, FI-90014 Oulu, Finland.

Résumé

Soil microorganisms are key players of terrestrial ecosystem functioning due to their role in organic matter recycling and their interactions with plants. Thus, soil microbial communities may be an extended phenotype of plants; if so, plant genetic should correlate with composition of soil microbial communities. To test this hypothesis, we studied the genetic variability within *S. acaulis* and its correlation with the composition of associated fungal communities. 90 plant individuals established along elevation gradients from two closed calcareous and siliceous mountains in the French Alps were genotyped using Amplified Fragments Length Polymorphism. Soil fungal communities were characterized by sequencing of ITS1 amplicons (Illumina pair-end 250 bp). After reads trimming, a total of 66,023 dereplicated sequences accounting for 1,863,941 reads were clustered in Molecular Taxonomic Units (MOTU) at similarity thresholds ranging from 90 to 98%. Taxonomic assignment was performed using global alignment and Most Recent Common Ancestor algorithm (ecotag program, <http://metabarcoding.org/obitools/doc/scripts/ecotag.html>) and a refined version of the UNITE database. Population genetic analysis of *S. acaulis* revealed 3 genetic groups. Two occurred only on calcareous bedrock, the remaining one occurred on both bedrocks. Each genetic group significantly hosted a compositionally particular fungal community. Further, the more the cushions were genetically distant the more their associated fungal communities differed. This relationship was higher at the finest taxonomic resolution, i.e. for MOTU defined at 98%, showing fine interaction between plant and fungi. We identified MOTUs at different taxonomic resolution having ecological preference, i.e. MOTUs that are mostly found in one plant group and are few in the others. This results support the hypothesis that plant genetic factor dominates over environmental context on fungal assembly. Our study supports the importance of plant genetics to community processes and proposes soil fungi as the extended phenotype of alpine cushions.

Mots-clés

Soil fungi; community ecology; plant-microbes interactions; community genetic; alpine ecosystem

DIFFERENTIATION TEMPORELLE DES NICHES ECOLOGIQUES DES PROTISTES MARINS

Poster n°92

Auteur

Raffaele Siano

Liste complète des auteurs - Affiliations

Raffaele Siano 1, Julien Quéré 1, Richard Christen², Laure Guillou³

1 Ifremer – Centre de Bretagne, DYNECO/Pelagos Technopôle Brest Iroise - BP 7029280 Plouzané (France)

2 CNRS UMR 7138. Parc Valrose Université de Nice. BP 71, 06108 NICE CEDEX 02 (France)

3 Station Biologique de Roscoff (CNRS/UPMC) UMR 7144/DIPO Place Georges Teissier;29680 Roscoff (France)

Résumé

Les protistes marins sont caractérisés par une très forte diversité. La coexistence de nombreuses espèces au sein d'une même masse d'eau relativement homogène constitue un véritable paradoxe. La diversification des niches écologiques (saisonnalité, rôles fonctionnels, interactions) est très probablement à l'origine de cette coexistence et permet également la stabilité des écosystèmes marins. Caractériser ces niches écologiques est aujourd'hui primordial dans la compréhension du fonctionnement des écosystèmes et de l'écologie des microorganismes marins. Dans cette étude, nous avons choisi d'aborder cette question par le suivi temporel des communautés sur des pas de temps relativement resserrés en essayant de définir si des espèces/groupes planctoniques proches génétiquement ont une période d'occurrence différente ou synchrone, ce qui pourrait suggérer une différenciation en niches particulières ou de possibles associations privilégiées (coopérations type mutualisme ou commensalisme et interactions antagonistes). Pour cela des échantillons de trois classes de taille (micro; > 20 µm; ; nano > 3µm; pico > 0.22 µm) de protistes marins ont été prélevés dans les eaux de surface de la Baie de Concarneau (Bretagne Sud) pendant la période de Mars à Juillet 2012 avec une fréquence d'échantillonnage bi-hebdomadaire. La diversité génétique des protistes a été analysée par séquençage à haut débit (Roche 454 GS- FLX, région V4 du 18S). Cette approche nous a permis effectivement de caractériser de manière précise l'évolution de la biodiversité de la communauté échantillonnée tout en étudiant la phénologie de certains groupes de protistes marins autotrophes et/ou hétérotrophes. Une première annotation utilisant la base de données PR2 (Protist Ribosomal Reference database, <http://ssu-rRNA.org/>) a permis de révéler la dominance des Stramenopiles durant toute la durée de l'échantillonnage au sein des trois classes de taille analysées. La diversité génétique des groupes les plus abondants a ensuite été finement analysée par similarité de séquence avec les références de la Base PR2. En cas d'assignation imprécise, une analyse manuelle a permis (pour les reads abondants) soit d'élaborer la qualité de l'annotation dans PR2, soit d'introduire dans PR2 de nouvelles séquences de référence. Ce travail aboutit à la discrimination la plus fine possible des différents génotypes le long de notre suivi et à la discrimination temporelle des niches écologiques au sein du plancton marin.

Mots-clés

Protistes, phytoplancton, niche écologique, interactions écologique, suivi temporel, metabarcoding.

Poster n°93

Auteur

Katarzyna Siegel

Liste complète des auteurs - Affiliations

K. Siegel¹, S. Aimé¹, E. Chapelle², V. Edel-Herman¹, J. Raaijmakers², P. Lemanceau¹, C. Steinberg¹

¹ INRA, UMR1347 Agroécologie, 17 rue Sully, BP 86510, 21065 Dijon, France

² Wageningen University; Bld 107, Droevendaalsesteeg 1, 6708 PB Wageningen, The Netherlands

Résumé

Soils suppressive to soil-borne diseases are defined by a low disease incidence in spite of the presence of a virulent pathogen and a susceptible plant. In many cases, the inhibition of the disease development relies on the activity of the resident soil microbiome. To identify taxonomic microbial indicators linked to the suppressiveness phenotype of soils, culture independent-based methods have been employed to analyse and compare microbial dynamics in two different soils suppressive to either *Rhizoctonia solani* damping-off disease of sugar beet or *Fusarium* wilt disease on flax. Fungal and bacterial taxonomic biodiversity were estimated from ITS and 16S genes by amplicon pyrosequencing. To that end, metagenomic DNA was extracted from the rhizosphere of plants grown in soils with different level of suppressiveness.

Mots-clés

Suppressive soils, fungal diversity, 454 sequencing

Poster n°94

Auteur

Aymé Spor

Liste complète des auteurs - Affiliations

Laurent Philippot¹, Aymé Spor¹, Catherine Hénault^{1,2}, David Bru¹, Florian Bizouard¹, Christopher M Jones^{1,3}, Amadou Sarr¹ and Pierre-Alain Maron¹

¹ INRA, UMR 1347 Agroecology, Dijon, France

² INRA, UR Sols, Orléans, France

³ Uppsala BioCenter, Department of Microbiology, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden

Résumé

Microbial communities have a central role in ecosystem processes by driving the Earth's biogeochemical cycles. However, the importance of microbial diversity for ecosystem functioning is still debated. Here, we experimentally manipulated the soil microbial community using a dilution approach to analyze the functional consequences of diversity loss. A trait-centered approach was embraced using the denitrifiers as model guild due to their role in nitrogen cycling, a major ecosystem service. How various diversity metrics related to richness, evenness and phylogenetic diversity of the soil denitrifier community were affected by the removal experiment was assessed by 454 sequencing. As expected, the diversity metrics indicated a decrease in diversity in the 1/103 and 1/105 dilution treatments compared with the undiluted one. However, the extent of dilution and the corresponding reduction in diversity were not commensurate, as a dilution of five orders of magnitude resulted in a 75% decrease in estimated richness. This reduction in denitrifier diversity resulted in a significantly lower potential denitrification activity in soil of up to 4–5 folds. Addition of wheat residues significantly increased differences in potential denitrification between diversity levels, indicating that the resource level can influence the shape of the microbial diversity–functioning relationship. This study shows that microbial diversity loss can alter terrestrial ecosystem processes, which suggests that the importance of functional redundancy in soil microbial communities has been overstated.

Mots-clés

Biodiversity - functional redundancy - ecosystem functioning - denitrification

COMMUNAUTÉS ECTOMYCORHIZIENNES EN TRUFFIÈRE NATURELLE MEDITERRANEENNE: DYNAMIQUE DES ASSEMBLAGES ET PLACE DE LA TRUFFE NOIRE DU PERIGORD (TUBER MELANOSPORUM VITTAD.)

Poster n°95

Auteur

Elisa Taschen

Liste complète des auteurs - Affiliations

Elisa Taschen¹, Marc-André Selosse², Mathieu Sauve¹, Marie-Pierre Dubois¹, Adrien Taudière¹, Franck Richard¹.

¹ Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive, CNRS, UMR 5175, Equipe Interactions Biotiques, 1919 Route de Mende, 34293, Montpellier, cedex 5, France

² Muséum national d'histoire naturelle, Département Systématique et Evolution (UMR 7205 OSEB), CP 50, 45 rue Buffon, 75005 Paris, France

Résumé

En région Méditerranéenne, la Truffe noire *Tuber melanosporum* colonise spontanément des boisements jeunes issus de l'abandon agro-pastoral. Sa production est en déclin continu depuis un siècle, malgré la mise en place de plantations d'arbres inoculés dont le passage en production reste aléatoire, démontrant que l'écologie de la Truffe reste mal appréhendée. La présence de mycélium de Truffe est marquée par une zone de «brûlé», pauvre en végétation. Les truffières spontanées évoluent dans le temps et leur production tend à s'éteindre avec la fermeture de l'écosystème. Hormis les essences connues pour abriter la Truffe (chênes, noisetier) des études ont montré que des espèces de truffes mycorrhizent aussi des plantes arbustives comme des cistes (Comandini et al., 2006) ou encore herbacées comme des orchidées (Selosse et al., 2004). Notre objectif est de mieux comprendre l'évolution temporelle des communautés ectomycorhiziennes en truffière naturelle, et de cerner la place qu'occupe la Truffe dans un réseau entre plantes. En effet, la vision de la symbiose ectomycorhizienne comme la base d'un réseau reliant des plantes voisines (Selosse et al., 2006) permet d'envisager des interactions indirectes entre plantes. Par ailleurs, le partage d'espèces ectomycorhiziennes joue un rôle crucial dans les successions végétales (Richard et al., 2009). Des ectomycorhizes de chêne vert (*Quercus ilex*) et kermès (*Q. coccifera*), d'arbousier (*Arbutus unedo*) et de ciste cotonneux (*Cistus albidus*) ont été prélevés dans des truffières spontanées des Pyrénées-Orientales. Afin d'avoir une vision de la dynamique des communautés ectomycorhiziennes dans le temps, 4 stades ont été échantillonnés; brûlé immature non producteur, brûlé producteur, brûlé âgé après production, futaie âgée. Au total 800 ectomycorhizes ont été séquencées (barcoding par l'ITS) grâce au projet Bibliothèque du Vivant. Des OTUs ont été définies à 97% de similarité. L'assignation du genre a été réalisée par blast sous GenBank et UNITE, en vue de caractériser le réseau. Globalement, le vieillissement de la truffière s'accompagne d'un changement progressif des communautés ectomycorhiziennes, avec une réduction de la fréquence des espèces d'Ascomycètes, dont celles appartenant au genre *Tuber*. Parmi les 7,3% des ectomycorhizes rattachées genre au *Tuber*, *Tuber melanosporum* est présente seulement sur chêne vert, au stade de truffière en production, alors que 54% des OTUs sont communes à au moins deux espèces de plantes hôtes. Une étude approfondie de la topologie du réseau est en cours et dégagera un schéma clair des interactions entre les hôtes et leurs symbiontes ectomycorhiziens.

Références bibliographiques

Comandini, O., M. Contu, A.C. Rinaldi, 2006. An overview of *Cistus* ectomycorrhizal fungi: Mycorrhiza, v.16(6), p.381-395. Richard, F., M. Selosse, and M. Gardes, 2009, Facilitated establishment of *Quercus ilex* in shrub-dominated communities within a Mediterranean ecosystem: do mycorrhizal partners matter?: Fems Microbiology Ecology, v. 68, p. 14-24. Selosse, M., A. Faccio, G. Scappaticci, and P. Bonfante, 2004, Chlorophyllous and achlorophyllous specimens of *Epipactis microphylla* (Neottieae, Orchidaceae) are associated with ectomycorrhizal septomycetes, including truffles: Microbial Ecology, v. 47, p. 416-426. Simard, S. W., K. J. Beiler, M. A. Bingham, J. R. P. Deslippe, Leanne J., and F. P. Teste, 2012, Mycorrhizal networks: Mechanisms, ecology and modelling, Fungal biology reviews, Elsevier, p. 39-60.

Mots-clés

Tuber melanosporum, réseaux mycorhiziens, plantes compagnes, barcoding ITS

PRIVATE SELECTIVE SWEEPS IDENTIFIED FROM NEXT-GENERATION POOL-SEQUENCING REVEAL CONVERGENT PATHWAYS UNDER SELECTION IN TWO INBRED SCHISTOSOMA MANSONI STRAINS

Poster n°96

Auteur

Eve Toulza

Liste complète des auteurs - Affiliations

Julie A. J. Clément^{1,2}, Eve Toulza^{1,2}, Mathieu Gautier³, Hugues Parrinello⁴, David Roquis^{1,2}, Jérôme Boissier^{1,2}, Anne Rognon^{1,2}, Hélène Moné^{1,2}, Gabriel Mouahid^{1,2}, Jérôme Buard⁵, Guillaume Mitta^{1,2} and Christoph Grunau^{1,2}

1 Univ.Perpignan Via Domitia, Ecologie et Evolution des Interactions, UMR 5244, F-66860, Perpignan, France

2 CNRS, Ecologie et Evolution des Interactions, UMR 5244, F-66860, Perpignan, France

3 INRA, UMR CBGP (INRA – IRD – Cirad – Montpellier SupAgro), F-34988 Montferrier-sur-Lez, France

4 MGX Montpellier GenomiX, F-34094 Montpellier, France

5 CNRS, Institut de Génétique Humaine, UPR 1142, F-34396 Montpellier, France.

Résumé

BackgroundThe trematode flatworms of the genus *Schistosoma*, the causative agents of schistosomiasis, are among the most prevalent parasites in humans, affecting more than 200 million people worldwide. In this study, we focused on two well-characterized strains of *S. mansoni*, to explore signatures of selection. Both strains are highly inbred and exhibit differences in life history traits, in particular in their compatibility with the intermediate host *Biomphalaria glabrata*. **Methodology/Principal Findings**We performed high throughput sequencing of DNA from pools of individuals of each strain using Illumina technology and identified single nucleotide polymorphisms (SNP) and copy number variations (CNV). In total, 708,898 SNPs were identified and roughly 2,000 CNVs. The SNPs revealed low nucleotide diversity ($\pi = 2 \times 10^{-4}$) within each strain and a high differentiation level ($F_{st} = 0.73$) between them. Based on a recently developed in-silico approach, we further detected 12 and 19 private (i.e. specific non-overlapping) selective sweeps among the 121 and 151 sweeps found in total for each strain. **Conclusions/Significance**Functional annotation of transcripts lying in the private selective sweeps revealed specific selection for functions related to parasitic interaction (e.g. cell-cell adhesion or redox reactions). Despite high differentiation between strains, we identified evolutionary convergence of genes related to proteolysis, known as a key virulence factor and a potential target of drug and vaccine development. Our data show that pool-sequencing can be used for the detection of selective sweeps in parasite populations and enables one to identify biological functions under selection.

Mots-clés

Adaptation, population genomics, host/parasite interactions, selective sweeps, pool-sequencing

APPROCHES GENOMIQUES POUR L'ANALYSE DES STRATEGIES ADAPTATIVES DES BACTERIES PHYTOPATHOGENES DICKEYA SOLANI ET DICKEYA DIANTHICOLA

Poster n°97

Auteur

Frédérique Van Gijsegem

Liste complète des auteurs - Affiliations

Jacques Pédron¹, Samuel Mondy², Yannick Raoul des Essarts² et Frédérique Van Gijsegem¹

¹ Laboratoire BIOEMCO Biochimie et Ecologie des Milieux Continentaux UMR 7618, Paris

² Institut des Sciences du Végétal ISV UPR2355, Gif-sur-Yvette

Résumé

Les changements globaux peuvent altérer l'environnement des populations pathogènes et de leurs hôtes et ainsi offrir l'opportunité aux microorganismes de s'adapter à de nouveaux hôtes provoquant l'émergence de nouvelles maladies. Chez la pomme de terre, des modifications de la structure des populations pathogènes responsables de pourritures humides des tubercules et de jambe noire au champ ont été observées depuis quelques décennies en Europe, avec l'émergence de deux nouveaux agents pathogènes appartenant au genre *Dickeya*, *D. solani* et *D. dianthicola*, auparavant inféodés aux zones tropicales et aux cultures en serre (1). Notre projet de recherche vise à comprendre comment ces deux espèces se sont récemment adaptées à leur nouvel hôte, *Solanum tuberosum*, et à évaluer l'influence des facteurs anthropiques sur ce processus adaptatif. Dans ce but, nous avons débuté la comparaison de ces deux espèces bactériennes en couplant des approches de génomiques comparative et fonctionnelle, ainsi que de génomique comparative des populations. Dans une première approche, nous avons déterminé la séquence génomique complète d'une souche de chacune de ces 2 espèces, isolées de plants de pomme de terre atteints de jambe noire. Ces génomes ont été comparés entre eux et avec le génome de la souche modèle de *Dickeya*, *D. dadantii* 3937. Ces trois génomes sont très proches quant au nombre de gènes conservés et leur synténie. Chez ces 3 souches, nous avons détecté des différences dans l'arsenal de systèmes toxine-antitoxine, différences qui pourraient être impliquées dans les compétitions interspécifiques dans l'environnement. Il est intéressant de noter également que la majorité des quelques centaines de gènes souches-spécifiques est regroupée dans des régions génomiques qui peuvent également contenir des gènes liés à des éléments extrachromosomiques, signes de transferts horizontaux potentiels. Chez *D. solani*, la majorité des régions génomiques spécifiques regroupent des gènes prédits comme codant des systèmes de transport et des voies métaboliques. Pour corréler la présence de ces régions à un phénotype, nous avons entrepris une comparaison des capacités métaboliques des 3 espèces de *Dickeya* à l'aide de plaques Biolog. Par ailleurs, nous avons entrepris l'analyse fonctionnelle de la diversité des *Dickeya* responsables de jambe noire en comparant par RNAseq les profils d'expression de *D. solani* et *D. dianthicola*, au cours de deux étapes de l'infection de l'hôte : la colonisation des racines de plants de pomme de terre et le début de l'apparition des symptômes de macération dans le tubercule.

Références bibliographiques

(1) Toth IK, van der Wolf JM, Saddler G, Lojkowska E, Hélias V, Pirhonen M, Tsror L, Elphinstone JG, 2011. *Dickeya* species: an emerging problem for potato production in Europe. *Plant Pathol* 60 : 385-399

Mots-clés

Diversité, génomique comparative

DEVELOPMENT OF MICROSATELLITE MARKERS FOR THE SHORT-BEAKED ECHIDNA USING THREE DIFFERENT APPROACHES INCLUDING 454 SEQUENCING

Poster n°98

Auteur

Cécile Vanpe

Liste complète des auteurs - Affiliations

Cécile Vanpé^{1,*}, Jawad Abdelkrim^{1,**} and Neil J. Gemmell^{1,***}

¹ Centre for Reproduction and Genomics, Department of Anatomy and Structural Biology, University of Otago, PO Box 56, Dunedin 9054, New Zealand

* current address: UMR CNRS 5558 - LBBE, Biométrie et Biologie évolutive, UCB Lyon 1 - Bât. Grégor Mendel, 43 boulevard du 11 novembre 1918, 69622 Villeurbanne Cedex, France

** current address: CNRS, IRD, Muséum National d'histoire Naturelle, Université de Paris 6 « Systématique, Adaptation, Evolution », Département de Systématique et Evolution, Muséum National d'histoire Naturelle, 43 rue Cuvier, F-75003 Paris, France

*** current address: Alla Wilson centre for Molecular Ecology and Evolution, Department of Anatomy, University of Otago, PO Box 56, Dunedin 9054, New Zealand

Résumé

We used three different methods, size-selected genomic library, cross-species amplification of a mammal-wide set of conserved microsatellites and 454 genomic sequencing, to develop a panel of 43 microsatellite loci for the short-beaked echidna (*Tachyglossus aculeatus*). These loci were screened against 13 individuals from three different regions (Tasmania, Kangaroo Island, Perth region), spanning the breadth of the range of the short-beaked echidna. Nine of the 43 tested loci amplified reliably, generated clear peaks on the electropherogram and were polymorphic, with the number of alleles per locus ranging from two to eight (mean = 3.78) in the individuals tested and expected heterozygosity ranging from 0.19 to 0.84. The genomic sequencing approach using data derived from the Roche FLX platform is likely to provide the most promising method to develop echidna microsatellites. The microsatellite markers developed here are currently used to assess genetic diversity in nuclear microsatellite loci and investigate the population structure and phylogeography of the short-beaked echidna at the broad scale of Australia. These markers will also facilitate further studies on the conservation genetics of endangered *Zaglossus* species.

Références bibliographiques

Vanpé C., Buschiazzi E., Abdelkrim J., Morrow G., Nicol S.C. & Gemmell N.J. 2009. Development of microsatellite markers for the short-beaked echidna using three different approaches. *Australian Journal of Zoology* 57: 219-224.

Mots-clés

454 sequencing, cross-species amplification, genomic library, microsatellite, monotremes, *Tachyglossus aculeatus*.

PLANKTON COMMUNITY FATE WHEN TRANSPORTED THROUGH THE ATLANTIC OCEAN IN AGULHAS RINGS.

Poster n°99

Auteur

Emilie Villar

Liste complète des auteurs - Affiliations

Emilie Villar^{1*}, Pascal Hingamp¹, Fabrice Not², Daniele Iudicone³ and the TARA Oceans Consortium

¹ CNRS, Aix-Marseille Université, Laboratoire Information Génomique et Structurale (UMR 7256), Mediterranean Institute of Microbiology (FR 3479), Marseille, France

² CNRS, Université Pierre et Marie Curie (Paris 06), UMR 7144, Station Biologique de Roscoff, Roscoff, France

³ Stazione Zoologica Anton Dohrn, Naples, Italy

*Corresponding author: villar@igs.cnrs-mrs.fr, +33 4 91 82 54 36

Résumé

As the main choke point of the global ocean circulation, the Agulhas leakage has been intensively studied by physicists, but little is known about its role in the biological transport. A major part of this leakage occurs as anticyclonic rings formed at the Agulhas retroflexion move into the South Atlantic gyre. During their evolution, these warm, salty rings mix with fresher, colder waters. The main questions here addressed will be: i/ Do the Agulhas rings deliver Indian Ocean plankton “as is” to the South Atlantic? ii/ How do plankton isolated in rings deal with strong environmental change as they travel past the choke point ? These questions were addressed using a specific TARA Oceans expedition dataset consisting of nine sampling stations from the three oceans surrounding the Agulhas choke point (Indian, Atlantic and Southern Oceans) and two stations specifically targeting Agulhas rings (9 months and 3 years-old respectively). Typical of Agulhas rings, water in the young ring is characterized by a water temperature which is 5°C lower than Indian source waters, a deep mixed layer of 250m depth and a high concentration of NO₂. Both imagery and genetics analyses of the samples gave consistent patterns of plankton populations: i/ The Southern Ocean plankton community appeared isolated, while Atlantic and Indian Oceans displayed similar plankton community. ii/ The young ring displayed neither typical Indian nor Atlantic nor Southern community profile, while the old ring displayed an Atlantic community profile. iii/ Taxonomic groups were not equally affected by environmental changes occurring during the ring formation, e.g. smaller organisms (fraction < 5 µm) seemed to be more resilient than larger plankton (>5µm). The high similarity between Indian and South Atlantic Oceans plankton communities suggests that Agulhas leakage is highly efficient in plankton transport across the Agulhas choke point. However, since the ring plankton community per se is atypical of both source and destination oceans, two hypotheses are proposed: 1) plankton community structure is severely remodeled due to environmental forcing during ring transport but recovers a typical Indian/Atlantic signature as the plankton is progressively dispersed into the Atlantic; 2) the Indian / Atlantic plankton similarity is maintained by a transport mechanism independent from Agulhas rings that is less prone to severe environmental shifts.

Mots-clés

Plankton transport, metagenomics/metabarcoding, environmental forcing, Agulhas rings

UNE DIVERSITE ENCORE MECONNUE AU SEIN DES BIOFILMS A CYANOBACTERIES BENTHIQUES DANS LES RIVIERES

Poster n°100

Auteur

Anouk Zancarini

Liste complète des auteurs - Affiliations

Anouk Zancarini^{1,2*}, Isidora Echenique-Subiabre^{1,2,3}, Didier Debroas^{4,5}, Catherine Quiblier^{3,6}, Jean-François Humbert²

1 Université Pierre et Marie Curie, 4 Place Jussieu, 75252 Paris Cedex, France

2 INRA, UMR BIOEMCO, ENS Paris, 46 Rue d'Ulm, 75005 Paris, France

3 MNHN, UMR MCAM, 57 rue Cuvier, CP39, 75231 Paris Cedex 05, France

4 Clermont Université, Laboratoire «Microorganismes: Génome et Environnement», BP 10448, Clermont-Ferrand, France

5 CNRS, UMR 6023, LMGE, Aubière, France

6 Université Paris Diderot, 5 rue T. Mann, 75013 Paris, France

* Adresse e-mail: anouk.zancarini@biologie.ens.fr - Téléphone: 01.44.32.38.80

Résumé

Les cyanobactéries benthiques se développent sous forme de biofilms au fond de certaines rivières peu profondes. Dans des conditions environnementales encore mal connues, elles peuvent proliférer et poser des problèmes sanitaires car certaines espèces produisent des neurotoxines qui sont responsables, chaque année, de la mort d'animaux en France et dans d'autres pays. Au sein des biofilms, les cyanobactéries cohabitent avec d'autres producteurs primaires (diatomées et chlorophycées principalement) mais aussi avec d'autres bactéries. Pour mieux comprendre la dynamique du développement des biofilms ainsi que le déterminisme des proliférations et la production de toxines, nous développons des travaux sur deux rivières françaises, la Loue et le Tarn. Les deux questions principales abordées sont (i) de déterminer quelles sont les conditions environnementales qui favorisent la dominance des cyanobactéries dans les biofilms et conduisent à leur prolifération, et (ii) d'évaluer la composition et la diversité de ces biofilms à cyanobactéries et de rechercher s'il existe des associations privilégiées au sein des biofilms, entre les cyanobactéries et les autres microorganismes présents. L'utilisation d'une sonde spectrofluorimétrique, combinée à des échantillonnages classiques, a tout d'abord montré que les biofilms de la Loue étaient le plus souvent composés d'une association entre des cyanobactéries et des diatomées, dont les biomasses relatives et absolues varient en fonction de paramètres environnementaux, telles que la nature du substrat et la vitesse du courant. Par une approche moléculaire (pyroséquençage 454 sur un fragment d'ARNr 16S), il est apparu que la composante bactérienne de ces biofilms présente une très grande diversité, même si les protéobactéries (56%) et en particulier les alphaprotéobactéries (43%) dominent toujours ces communautés. Parmi ces dernières, les OTU les plus abondantes appartiennent au genre *Rhodobacter* (8%), qui est connu pour posséder des capacités métaboliques très diverses, dont celle de réaliser la photosynthèse. Ce résultat suggère que ces bactéries contribuent significativement à la production primaire dans cette rivière, en complément des cyanobactéries et des microalgues. Enfin, des variations spatiotemporelles ont été observées dans la composition de ces biofilms en liaison avec leur origine géographique et les dates de prélèvement. Une approche similaire à celle réalisée sur les communautés bactériennes est en cours d'analyse sur la communauté de microeucaryotes (pyroséquençage d'un fragment d'ARNr 18S). Elle devrait nous permettre de mieux connaître cette communauté et d'identifier des associations entre bactéries et eucaryotes.

Mots-clés

Biofilm, Communautés microbiennes, Cyanobactéries, Diversité, Rivière

NOM ET ADRESSES MAILS

ABDELKRIM	Jawad	jawad@mnhn.fr
AGOGUE	Hélène	helene.agogue@univ-lr.fr
AINOUCHE	Malika	malika.ainouche@univ-rennes1.fr
AINOUCHE	Abdelkader	kader.ainouche@univ-rennes1.fr
ALBERTO	Florian	florian.alberto@gmail.com
ALVES CARVALHO	Susete	carvalho@rennes.inra.fr
ARNAL	Véronique	veronique.arnal@cefe.cnrs.fr
ATTARD	Eleonore	eleonore.attard@gmail.com
AUDIC	Stéphane	stephane.audic@sb-roscoff.fr
AUER	Lucas	auer@insa-toulouse.fr
BAHIN	Mathieu	mathieu.bahin@gmail.com
BALLAUD	Flore	flore.ballaud@univ-rennes1.fr
BARANTAL	Sandra	sandra.barantal@gmail.com
BARDOU-VALETTE	Sylvie	sylvie.valette@rennes.inra.fr
BARLOY	Dominique	dominique.barloy@rennes.inra.fr
BARRET	Matthieu	matthieu.barret@angers.inra.fr
BARTOLO	François	francois.bartolo@univ-lyon1.fr
BASTIAN	Suzanne	suzanne.bastian@oniris-nantes.fr
BEN LAZHAR AJROUD	Wafa	wafa.benlazar@gmail.com
BEN MAAMAR	Sarah	sarah.ben-maamar@univ-rennes1.fr
BENJELLOUN	Badr	badr.benjelloun@gmail.com
BESNARD	Anne-Laure	anne-laure.besnard@rennes.inra.fr
BIARD	Tristan	tristan.biard@sb-roscoff.fr
BITTNER	Lucie	Lucie.bittner@upmc.fr
BOBE	Julien	julien.bobe@rennes.inra.fr
BOICHARD	Michèle	michele.boichard@jouy.inra.fr
BONHOMME	François	bonhomme@univ-montp2.fr
BONILLO	Joel	bonillo@mnhn.fr
BONNEVILLE	Céline	Jean-marc.bonneville@ujf-grenoble.fr
BOUALLEGUE	Jean-Marc	mb27121987@yahoo.fr
BOUCHARD	Maryem	bouchard.dam@gmail.com
BOUCHEMOUSSE	Sarah	sbouchemousse@sb-roscoff.fr
BOUCHON	Didier	didier.bouchon@univ-poitiers.fr
BOUTET	Gilles	gboutet@rennes.inra.fr
BOUTTE	Julien	julien.boutte@univ-rennes1.fr
BRANDENBURG	Jean-Tristan	jean-tristan.brandenburg@moulon.inra.fr
BRETAUDEAU	Anthony	anthony.bretauudeau@rennes.inra.fr
BROQUET	Thomas	thomas.broquet@sb-roscoff.fr
CAPDEVIELLE	Claire	claire.capdevielle-dulac@legs.cnrs-gif.fr
CARIOU	Marie	marie.cariou@univ-lyon1.fr
CEZILLY	Frank	frank.cezilly@u-bourgogne.fr
CHANGEY	Frédérique	frederique.changey@u-pec.fr
CHARLAT	Sylvain	sylvain.charlat@univ-lyon1.fr
CHARRIER	Grégory	gregory.charrier@univ-brest.fr
CHAVE	Jérôme	chave@cict.fr

CHENUIL	Anne	anne.chenuil@imbe.fr
CHEVIGNON	Germain	g.chevignon@gmail.com
CHEVRE	Anne-Marie	chevre@rennes.inra.fr
CHEVRET	Pascale	commande.lbbe@univ-lyon1.fr
CHOTTE	Julien	jchotte@vet-alfort.fr
COLBOURNE	John Kenneth	J.K.Colbourne@bham.ac.uk
COLLIN	Olivier	olivier.collin@irisa.fr
COMTET	Thierry	comtet@sb-roscoff.fr
CORDAUX	Richard	richard.cordaux@univ-poitiers.fr
CORITON	Olivier	olivier.coriton@rennes.inra.fr
COUCEIRO	Lucia	lcouceiro@sb-roscoff.fr
COUELLEC	Marie-Agnès	marie-agnes.coutellec@rennes.inra.fr
CRUAUD	Perrine	perrine.cruaud@ifremer.fr
CRUAUD	Astrid	cruaud@supagro.inra.fr
DA LAGE	Jean-Luc	jldl@legs.cnrs-gif.fr
DAGUIN THIEBAUT	Claire	daguin@sb-roscoff.fr
DALMON	Anne	anne.dalmon@avignon.inra.fr
DAVAL	Stéphanie	stephanie.daval@rennes.inra.fr
DE LA BROISE	Denis	denis.de-labroise@univ-brest.fr
DE VARGAS	Colomban	vargas@sb-roscoff.fr
DEBRUYNE	Régis	debruyne@mnhn.fr
DECELLE	Johan	decelle@sb-roscoff.fr
DEDEINE	Franck	franck.dedeine@univ-tours.fr
DELSUC	Frédéric	frederic.delsuc@univ-montp2.fr
DELTEL	Charles	charles.deltel@inria.fr
DENIOT	Gwenaëlle	gwenaelle.deniot@rennes.inra.fr
DENONFOUX	Jérémie	jeremie.denonfoux@genoscreen.fr
DERRIEN	Thomas	thomas.derrien@univ-rennes1.fr
DESCAENS	Thibaud	thibaud.descaens@univ-rouen.fr
DESMARAIS	Erick	desmarais@univ-mont2.fr
DETTAI	Agnès	dettai.agnes@gmail.com
DEUTSCH	Stéphanie	sdeutsch@rennes.inra.fr
DEVERS	Marion	devers@dijon.inra.fr
DHEILLY	Nolwenn	nolwenn.dheilly@univ-perp.fr
DILLMANN	Christine	dillmann@moulon.inra.fr
DITTAMI	Simon	Simon.dittami@gmail.com
DITTMER	Jessica	jessica.dittmer@univ-poitiers.fr
DONNE-GOUSSE	Carole	carole.donne-gousse@roche.com
DORE	Hugo	hugo.dore@sb-roscoff.fr
DOUADY	Christophe	christophe.douady@univ-lyon1.fr
DREZEN	Jean-Michel	erwan.drezen@inria.fr
DREZEN	Erwan	drezen@univ-tours.fr
DUBOIS	Marie-Pierre	marie-pierre.dubois@cefe.cnrs.fr
DUBOW	Michael	michael.dubow@u-psud.fr
DUBREUIL	Géraldine	geraldine.dubreuil@univ-tours.fr
DUFRESNE	Alexis	alexis.dufresne@univ-rennes1.fr
DUGAT	Thibaud	tdugat@vet-alfort.fr
DUGAT-BONY	Eric	eric.dugat-bony@grignon.inra.fr
DUHAMEL	Marie	duhamel.marie14@gmail.com

DUPAS	Stéphane	dupas@legs.cnrs-gif.fr
DUPRAT	Elodie	elodie.duprat@upmc.fr
DURAND	Patrick	pdurand@korilog.com
DUVAUX	Ludovic	lduvaux@sheffield.ac.uk
EDEI-HERMAN	Véronique	veronique.edel@dijon.inra.fr
EOCHE-BOSY	Delphine	delphine.eb@live.fr
ERAUSO	Gael	gael.erauso@univ-amu.fr
EVANNO	Guillaume	guillaume.evanno@rennes.inra.fr
EVEILLARD	Damien	damien.eveillard@univ-nantes.fr
EVEN	Sergine	sergine.even@rennes.inra.fr
FALENTIN	Cyril	cyril.falentin@rennes.inra.fr
FALENTIN	Hélène	helene.falentin@rennes.inra.fr
FARRANT	Grégory	gregory.farrant@sb-roscoff.fr
FAURE	Denis	faure@isv.cnrs-gif.fr
FELLA	Aissiou	
FERRANDIZ ROVIRA	Mariona	mariona.ferrandiz@gmail.com
FIGUEIRA ABURJAILE	Flavia	faburjaile@gmail.com
FISTON LAVIER	Anne-Sophie	afiston@stanford.edu
FORT	Thomas	
FRAISSINET-TACHET	Laurence	fraissin@univ-lyon1.fr
FRANC	Alain	alain.franc@pierroton.inra.fr
FRANCES	André-Jean	andre-jean.francez@univ-rennes1.fr
GARCZAREK	Laurence	laurence.garczarek@sb-roscoff.fr
GARNIER-GERE	Pauline	pauline@pierroton.inra.fr
GAUTHERON	Nadine	nadine.gautheron@dijon.inra.fr
GAUTHIER	Jean-Pierre	Jean-Pierre.Gauthier@rennes.inra.fr
GAUTHIER	Jérémy	jeremy.gauthier@etu.univ-tours.fr
GAUTIER	Angélique	angelique.gautier@versailles.inra.fr
GAUTIER	Mathieu	mathieu.gautier@supagro.inra.fr
GAYRAL	Philippe	philippe.gayral@univ-tours.fr
GAZENDEL	Kévin	kevin.gazengel@rennes.inra.fr
GEIGL	Eva-Maria	geigl.eva-maria@ijm.univ-paris-diderot.fr
GELHAYE	Eric	eric.gelhaye@univ-lorraine.fr
GENIEZ	Sandrine	sandrine.geniez@gmail.com
GEOFFROY	Alexandre	alex21.geoffroy@laposte.net
GIBRAT	Jean-François	jean-francois.gibrat@jouy.inra.fr
GIRON	David	david.giron@univ-tours.fr
GOBET	Angélique	angelique.gobet@sb-roscoff.fr
GORGE	Olivier	gorge@ijm.univ-paris-diderot.fr
GORZERINO	Caroline	Caroline.Gorzerino@rennes.inra.fr
GOUBERT	Clément	clement.goubert@univ-lyon1.fr
GOUIN	Anaïs	anais.gouin@irisa.fr
GRACIANNE	Cécile	cecile.gracianne@rennes.inra.fr
GRANGE	Thierry	thierry.grange@cnrs-dir.fr
GREVE	Pierre	pgreve@univ-poitiers.fr
GRIBALDO	Simonetta	simonetta.gribaldo@pasteur.fr
GUIGUEN	Yann	yann.guiguen@rennes.inra.fr
GUTIEREZ CARNELOSSI	Elias Alberto	eliasgutzoo@hotmail.com
GUYADER	Jessie	jessie.guyader@clermont.inra.fr

HARRY	Elsa	myriam.harry@u-psud.fr
HEEB	Philipp	philipp.heeb@univ-tlse3.fr
HENRI	Hélène	helene.henri@univ-lyon1.fr
HENRY	Nicolas	nicolas.henry@sb-roscoff.fr
HERNANDEZ-RAQUET	Guillermina	hernandg@insa-toulouse.fr
HERNIOU	Elisabeth	elisabeth.herniou@univ-tours.fr
HERVIO-HEATH	Dominique	Dominique.Hervio.Heath@ifremer.fr
HERY	Marina	marina.hery@univ-montp2.fr
HEULIN	Thierry	thierry.heulin@cea.fr
HITTE	Christophe	hitte@univ-rennes1.fr
HOSCHEIT	Patrick	phoscheit@jouy.inra.fr
HOSSAERT	Martine	martine.hossaert@cnrs-dir.fr
HOURDEZ	Stéphane	hourdez@sb-roscoff.fr
HUDAVERDIAN	Sylvie	Sylvie.Hudaverdian@rennes.inra.fr
IRLINGER	Françoise	irlinger@grignon.inra.fr
JACQUES	Marie-Agnès	marie-agnes.jacques@angers.inra.fr
JAQUIERY	Julie	julie.jaquiery@rennes.inra.fr
JARRIN	Cyrille	c.jarrin@libragen.com
JOLLIVET	Didier	jollivet@sb-roscoff.fr
JOLY	Dominique	Dominique.Joly@cnrs-dir.fr
JORON	Mathieu	joron@mnhn.fr
JUANCHICH	Amélie	amelie.juanchich@rennes.inra.fr
JUBAULT	Mélanie	melanie.jubault@agrocampus-ouest.fr
KAISER-ARNAULD	Laure	laure.kaiser-arnaud@legs.cnrs-gif.fr
KIRILOVSKY	Amos	kirlovsky@genoscope.cns.fr
KREMER	Natacha	natacha.kremer@normalesup.org
KWASIBORSKI	Anthony	kwasiborski@isv.cnrs-gif.fr
LAGREE	Anne-Claire	aclairelecorre@yahoo.fr
LAUGA	Béatrice	beatrice.lauga@univ-pau.fr
LAUNEY	Sophie	sophie.launey@rennes.inra.fr
LAYEC	Séverine	Severine.layec@grignon.inra.fr
LE BER	Pierre	pleber@genoscope.cns.fr
LE BRAS	Yvan	yvan.le_bras@irisa.fr
LE CAM	Aurélie	aurelie.lecam@rennes.inra.fr
LE CAM	Bruno	Bruno.lecam@angers.inra.fr
LE GALL	Line	legall@mnhn.fr
LE GUELLEC	Rozenn	rozenn.leguellec@rennes.inra.fr
LE TRIONNAIRE	Gaël	gael.letrionnaire@rennes.inra.fr
LE VAN	Amandine	levan.amandine@gmail.com
LEBRETON	Lionel	lionel.lebreton@rennes.inra.fr
LECLERC	Sébastien	sebastien.leclercq@univ-poitiers.fr
LECOINTRE	Guillaume	lecointr@mnhn.fr
LEFEBURE	Tristan	tristan.lefebure@univ-lyon1.fr
LEGEAI	Fabrice	fabrice.legeai@rennes.inra.fr
LEFEVRE	Christopher	
LEGRAND	Delphine	delphine.legrand@ecoex-moulis.cnrs.fr
LEHEMBRE	Frédéric	frederic.lehembre@ujf-grenoble.fr
LEMAITRE	Claire	claire.lemaitre@inria.fr
LEMENAGER	Diane	dlemenager@roullier.com

LERCH	Thomas	thomas.lerch@u-pec.fr
LINARD	Benjamin	b.linard@nhm.ac.uk
LOUX	Valentin	Valentin.Loux@jouy.inra.fr
MAHE	Frédéric	mahe@rhrk.uni-kl.de
MAHE	Stéphane	stephane.mahe@univ-rennes1.fr
MAHEO	Frédérique	frederique.maheo@rennes.inra.fr
MAILLET	Nicolas	nicolas.maillet@inria.fr
MARCHANT	Axelle	axelle.marchant@legs.cnrs-gif.fr
MARIADOUSSOU	Mahendra	mahendra.mariadassou@jouy.inra.fr
MARKOV	Gabriel	gabriel.markov@tuebingen.mpg.de
MARY	Isabelle	isabelle.mary@univ-bpclermont.fr
MATHIS	René	rene.mathis@geves.fr
MAUGER	Stéphane	mauger@sb-roscoff.fr
MEJRI	Hames	hames.mejri@gmail.com
MERCIER	Céline	celine.mercier@metabarcoding.org
MERLOT	Sylvain	sylvain.merlot@isv.cnrs-gif.fr
MEUSNIER	Isabelle	isabelle.meusnier@gmail.com
MEZGHANI KHEMAKHEM	Maha	mahakm@planet.tn
MIEUZET	Lucie	lucie.mieuzet@rennes.inra.fr
MIRLEAU	Pascal	pascal.mirleau@imbe.fr
MONARD	Cécile	cecile.monard@univ-rennes1.fr
MONDY	Samuel	mondy@isv.cnrs-gif.fr
MONTANIE	Hélène	helene.montanie@univ-lr.fr
MONTARRY	Josselin	josselin.montarry@rennes.inra.fr
MONTEIL	Caroline	caroline.monteil@avignon.inra.fr
MONTFORT	Jérôme	jerome.montfort@rennes.inra.fr
MORLIERE	Stéphanie	Stephanie.morlire@rennes.inra.fr
MORVEZEN	Romain	romain.morvezen@univ-brest.fr
MOUCHIROUD	Dominique	Dominique.Mouchiroud@univ-lyon1.fr
MOUGEL	Christophe	christophe.mougel@rennes.inra.fr
MOUGEL-IMBERT	Florence	mougel@legs.cnrs-gif.fr
NAVAJAS	Maria	navajas@supagro.inra.fr
NEGRE	Sylvie	sylvie.negre@rennes.inra.fr
NEOU	Mario	mneou@genoscope.cns.fr
NOT	Fabrice	not@sb-roscoff.fr
NOUHAUD	Pierre	pierre.nouhaud@rennes.inra.fr
OGER-DESFEUX	Christine	christine.oger@univ-lyon1.fr
OGIER	Jean-Claude	jean-claude.ogier@univ-montp2.fr
OGLIASTRO	Marie-Hélène	ogliastr@supagro.inra.fr
OUTREMAN	Yannick	yannick.outreman@rennes.inra.fr
PAILLARD	Sophie	sophie.paillard@rennes.inra.fr
PANTE	Eric	pante.eric@gmail.com
PARAYRE	Sandrine	sandrine.parayre@rennes.inra.fr
PARTENSKI	Frédéric	partensky@sb-roscoff.fr
PASCAULT	Noémie	noemie.pascault@biologie.ens.fr
PASQUET	Eric	eric.pasquet@mnhn.fr
PECCOUD	Jean	Jean.peccoud@rennes.inra.fr
PEDRON	Nicolas	nicolas.pedron@univ-brest.fr
PERRIERE	Guy	

PETERLONGO	Pierre	pierre.peterlongo@inria.fr
PETERS	Akira	akirapeters@gmail.com
PETIT	Eric	eric.petit@univ-rennes1.fr
PETIT	Elsa	elsa.petit@u-psud.fr
PETON	Vincent	vincent.peton@rennes.inra.fr
PEYRET	Pierre	pierre.peyret@udamail.fr
PINAY	Gilles	Gilles.pinay@univ-rennes1.fr
PLANTARD	Olivier	olivier.plantard@oniris-nantes.fr
PLEWNIAK	Frédéric	f.plewniak@unistra.fr
POMPANON	François	francois.pompanon@ujf-grenoble.fr
PORCO	David	david.porco.gm@gmail.com
POSTEC	Anne	anne.postec@univ-amu.fr
PRIGENT	Sylvain	sylvain.s.prigent@irisa.fr
PRUNIER	Nathalie	nathalie.leterme@rennes.inra.fr
PUILLANDRE	Nicolas	puillandre@mnhn.fr
PUYO	Sophie	sophie.puyo@rennes.inra.fr
QUAISER	Achim	achim.quiser@univ-rennes1.fr
QUEMERE	Erwan	erwan.quemere@toulouse.inra.fr
QUILLERY	Elsa	elsa.quillery@oniris-nantes.fr
RASPLUS	Jean-Yves	rasplus@supagro.inra.fr
RATIN	Morgane	morgane.ratin@sb-roscoff.fr
RAULT	Lucie	lucie.rault@rennes.inra.fr
REEB	Catherine	reeb@mnhn.fr
REY	Olivier	olivier.rey@EcoEx-Moulis.cnrs.fr
RISPE	Claude	clauderispe@oniris-nantes.fr
ROBIC	Agnès	gilbert.robic@lifetech.com
ROBY	Charlotte	croby@sb-roscoff.fr
ROLLAND	Mathieu	mathieu.rolland@geves.fr
ROMAC	Sarah	romac@sb-roscoff.fr
ROOSE-AMSALEG	Céline	celine.amsaleg@upmc.fr
ROUGEMONT	Quentin	quentin.rougemont@rennes.inra.fr
ROUGERIE	Rodolphe	rrougeri@gmail.com
ROUSSEAU	Hélène	helene.rousseau@univ-rennes1.fr
ROUSSEAU-GUEUTIN	Mathieu	mathieu.rousseau@univ-rennes1.fr
ROY	Julien	
SAGOT	Marie-France	Marie-France.Sagot@inria.fr
SALAUN	Patrick	patrick.salaun@promega.com
SALLE	Guillaume	
SALMON	Armel	armel.salmon@univ-rennes1.fr
SAMADI	Sarah	sarah@mnhn.fr
SANGUIN	Hervé	herve.sanguin@cirad.fr
SARILAR	Véronique	Veronique.Sarilar@grignon.inra.fr
SARNIGUET	Alain	alain.sarnigueta@rennes.inra.fr
SAUVION	Nicolas	sauvion@supagro.inra.fr
SCHBATH	Sophie	sophie.schbath@jouy.inra.fr
SEELEUTHNER	Yoann	yseeleuthner@genoscope.cns.fr
SIANO	Raffaele	raffaele.siano@ifremer.fr
SIEGEL	Katarzyna	katarzyna.siegel@dijon.inra.fr
SILVAIN	Jean-François	Jean-Francois.Silvain@legs.cnrs-gif.fr

SIMON	Jean-Christophe	jean-christophe.simon@rennes.inra.fr
SIMONET	Pascal	pascal.simonet@ec-lyon.fr
SOURROUILLE	Patricia	patricia.sourrouille@cefe.cnrs.fr
SPOR	Aymé	ayme.spor@dijon.inra.fr
STOECKEL	Solenn	solenn.stoeckel@rennes.inra.fr
TABERLET	Pierre	pierre.taberlet@ujf-grenoble.fr
TAGU	Denis	Denis.Tagu@rennes.inra.fr
TERRAT	Sébastien	sebastien.terrat@dijon.inra.fr
TEYSSIER	Aimeric	aimeric.teyssier@gmail.com
THEZE	Julien	julien.theze@univ-tours.fr
TIXIER-BOICHARD	Michele	michele.boichard@jouy.inra.fr
TOULZA	Eve	eve.toulza@univ-perp.fr
TROTOUX	Gwenn	gwenn.trotoux@rennes.inra.fr
VALERO	Myriam	valero@sb-roscoff.fr
VAN GIJSEGEM	Frédérique	vangijse@agroparistech.fr
VANDENKOORNHUYSE	Philippe	philippe.vandenkoornhuyse@univ-rennes1.fr
VANPE	Cécile	cecile.vanpe@univ-lyon1.fr
VASTRA	Margaux	m.vastra@etu.univ-ag.fr
VEKEMANS	Xavier	xavier.vekemans@univ-lille1.fr
VENNER	Marie-Claude	marie-claude.venner@univ-lyon1.fr
VIEIRA MILREU	Paulo	commande.lbbe@univ-lyon1.fr
VIGNERON	Adrien	avignero@gmail.com
VILLAR	Emilie	villar@igs.cnrs-mrs.fr
VIRICEL PANTE	Amélia	aviricel@univ-lr.fr
VOLKOFF	Anne-Nathalie	volkoff@supagro.inra.fr
WHITE	Joël	joel.white@educagri.fr
WINCKER	Patrick	pwincker@genoscope.cns.fr
WIRTH	Thierry	wirth@mnhn.fr
ZAHAB	Roula	roula.zahab@cefe.cnrs.fr
ZANCARINI	Anouk	anouk.zancarini@biologie.ens.fr
ZINGER	Lucie	lucie@zinger.fr

