



**Jeudi 9 mars 2017, 11:00**

Salle de réunion

## **GÉNOMIQUE DE LA SPÉCIALISATION À LA PLANTE HÔTE CHEZ DEUX ESPÈCES SŒURS DE PYRALES (*OSTRINIA NUBILALIS* ET *O. SCAPULALIS*)**

par

Louise Brousseau

Postdoc, CBGP

**État de l'art.** Les insectes phytophages sont des modèles de choix pour étudier les mécanismes de spécialisation à la plante hôte et de spéciation écologique. Deux espèces jumelles du genre *Ostrinia* sont communément rencontrées en Europe : *O. nubilalis* est un ravageur majeur du maïs (*i.e.* pyrale du maïs) tandis que sa congénère *O. scapularis* est rencontrée sur dicotylédones sauvages (houblon, armoise, cannabis). Des différences de performance et d'attraction vis-à-vis des plantes hôtes entre ces deux espèces ont déjà été rapportées mais les bases génomiques de la spécialisation à l'hôte et leurs liens potentiels avec le processus de spéciation restent encore largement méconnus.

**Méthodes.** Dans le cadre de l'ANR *Adaptome*, la question de la divergence génomique entre ces deux espèces est adressée à travers le séquençage haut débit de pools de populations selon une approche Pool-Seq : 8 pools de populations correspondant à la réplication du contraste "maïs cultivé" vs. "dicotylédones sauvages" à différentes localités allant de l'Europe de l'ouest aux frontières de l'Asie (2 espèces associées à des plantes hôtes différentes x 4 localités géographiques) et constitués de 70 mâles chacun ont été séquencés sur 8 lignes d'un séquenceur Illumina HiSeq 2500 (séquençage "paired-end 2 x 125 nt", 1 ligne par pool). Les données ont été analysées grâce à un pipeline bioinformatique spécifiquement conçu pour cette étude: les "reads" séquencés ont été alignés sur le génome de référence récemment acquis dans le cadre d'*Adaptome* et les polymorphismes de type SNPs (intra- et inter-pools) ont été détectés selon des critères stringents (de couverture, de "maf", de qualité de séquençage, etc.).

**Résultats.** Environ 3,6 millions de SNPs de haute qualité ont ainsi été détectés et analysés via deux approches Bayésiennes implémentés dans les logiciels *SeIEstim* et *BayPass*, dans le but d'identifier les régions génomique différenciant les deux espèces (*i.e.* *outliers* sous sélection divergente). Parmi eux, près de 7500 de SNPs ont été détectés comme étant génétiquement sur-différenciés entre espèces en lien avec la plante hôte (*i.e.* par rapport à un attendu neutre = non-adaptatif). Fait intéressant, la majorité de ces *outliers* sont groupés dans des régions génomiques présumées clés, dont l'annotation structurelle et fonctionnelle (actuellement en cours) apportera des connaissances fondamentales quant à la nature et fonction biologique des bases moléculaires sous-jacents à la spécialisation et à la spéciation.