

Offre pour un sujet de thèse financé 2018-2021
Université de Tours
Evolution de symbioses virales récentes au sein des guêpes parasitoïdes

Lieu :

Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte
CNRS UMR 7261
Faculté des Sciences et Techniques
Université de Tours
<http://irbi.univ-tours.fr/>
<https://www.univ-tours.fr/>

Encadrement : Prof. Elisabeth Huguet et Dr Thibaut Josse

Candidature :

Merci d'envoyer pour le **13 mai minuit au plus tard** un dossier de candidature comprenant :

- une lettre de motivation
- un CV
- une copie des relevés de notes de L3, M1 et premier semestre de M2 (ou équivalent)
- deux noms (et adresses électroniques) de personnes pouvant donner une référence

ce dossier est à adresser à

elisabeth.huguet@univ-tours.fr ET thibaut.josse@univ-tours.fr
pour le 13 mai 2018.

A l'issue d'une première phase de sélection, trois candidat(e)s seront sélectionné(e)s pour déposer leur candidature à l'école doctorale Santé, Sciences Biologiques et Chimie du Vivant de l'Université de Tours (15 juin). Ces candidats présenteront leur parcours et le projet devant un jury de l'école doctorale le 9 ou 10 juillet 2018.

Sujet de thèse :

Evolution de symbioses virales récentes au sein des guêpes parasitoïdes Campopleginae

Les virus sont connus pour leur capacité d'intégration dans des génomes eucaryotes. Certaines séquences virales sont fixées dans les génomes et transmises verticalement. Dans la plupart des cas, elles sont non fonctionnelles et se dégradent progressivement en l'absence de sélection. Le cas des nudivirus, grand virus ADN contenant plus d'une centaine de gènes, intégrés dans les génomes de certaines guêpes parasitoïdes fait figure d'exception. En effet, une grande partie de la machinerie virale a été transformée pour en faire un outil permettant la réussite du parasitisme, assurant ainsi le transfert de gènes ou de protéines de virulence dans l'hôte lépidoptère (chenille) parasité. Deux évènements de domestication de nudivirus ont ainsi pu être identifiés au sein de guêpes parasitoïdes. Chez les guêpes Braconidae, l'évènement de domestication est ancien (100 millions d'années), tandis que chez la guêpe Campopleginae *Venturia canescens*, est décrit le seul évènement d'intégration « récente » d'un nudivirus (estimée à 20 millions d'années). Nous avons récemment identifié une séquence nudivirale dans le génome de la guêpe parasitoïde *Campoplex capitator*, guêpe Campopleginae faisant partie d'un genre phylogénétiquement proche de *Venturia canescens*. Cette découverte offre la possibilité d'étudier par des approches de génomique comparative et fonctionnelle et d'évolution moléculaire les mécanismes précoces impliqués dans la domestication virale.

Objectifs de la thèse :

Etudier un exemple de domestication récente de nudivirus par une guêpe parasitoïde pour comprendre les mécanismes précoces impliqués dans la domestication virale, et déterminer si les mêmes trajectoires évolutives ont été prises pour produire des particules virales immunosuppressives infectieuses.

Le travail de thèse s'organisera en deux parties :

1. Caractérisation génomique et fonctionnelle du nudivirus intégré dans le génome de *Campoplex capitator*

Afin d'étudier l'organisation du nudivirus au sein du genre *Campoplex*, le séquençage du génome de *Campoplex capitator* sera effectué. L'objectif est de décrire un second exemple de la domestication récente d'un nudivirus au sein des Campopleginae. Le génome nudiviral de *Campoplex capitator* sera validé fonctionnellement par la caractérisation des particules virales produites et de leur contenu. Deux approches combinées de transcriptomique des tissus produisant les particules virales et de protéomique sur les particules virales purifiées permettront d'identifier ces constituants. Il sera alors possible de déterminer si les particules produites par *Campoplex capitator* contiennent les mêmes molécules immunosuppressives que *Venturia canescens* ou si d'autres mécanismes de virulence ont été sélectionnés. Il sera aussi possible de comparer les protéines d'enveloppes de type *Per os infectivity factor* (PIF) et de développer des approches fonctionnelles (interférence ARN) pour déterminer si ces protéines sont effectivement impliquées dans l'entrée des cellules de l'hôte parasité, comme cela est suspecté dans ces modèles. La démonstration moléculaire de cette hypothèse serait d'importance puisque ce mécanisme pourrait être responsable de la spécificité d'hôte de ces différentes guêpes parasitoïdes.

2. Génomique comparative et évolution moléculaire des virus dans le cadre d'une domestication récente

La génomique comparative des virus intégrés chez *Campoplex capitator* et *Venturia canescens* permettra de déterminer si le processus de domestication virale fait ou non intervenir les mêmes mécanismes évolutifs. La domestication peut en effet impliquer des phénomènes de réductions génomiques (pertes de gènes par pseudogénération ou délétion) pour des séquences virales qui ne seraient plus essentielles dans le cadre de l'interaction avec l'hôte. A contrario, d'autres séquences virales essentielles pour l'interaction avec l'hôte –comme par exemple les gènes codant des protéines d'enveloppes- peuvent être soumises à des pressions de sélection conservatives (maintenant leurs fonctions) ou diversifiantes. Dans la mesure où il existe plus d'une centaine d'espèces dans le genre *Campoplex*, ce modèle offre la possibilité unique de mesurer les pressions de sélection qui s'exercent sur les gènes nudiviraux au sein d'espèces apparentées de Campopleginae dans le cadre d'une domestication récente du virus.

Au cours de ce travail de thèse l'étudiant développera ainsi des approches en génomiques comparative et fonctionnelle, permettant d'acquérir des connaissances fondamentales sur l'évolution des symbioses virales au sein de guêpes parasitoïdes. Dans un contexte plus appliqué, l'étude comparative des gènes viraux codant les particules dans différentes espèces du genre *Campoplex* pourra également servir d'outils d'aide à la décision pour sélectionner des parasites plus performants dans le cadre de la lutte biologique contre les vers de grappe, ravageurs de vignes parasités par *Campoplex capitator*.

Compétences qui pourront être acquises par le candidat

- Compétences en approches « -omics » : génomique, transcriptomique et protéomique
- Compétences en génomique comparative et évolution moléculaire
- Approches fonctionnelles sur les insectes

Publications du laboratoire associées à la thématique

Drezen JM, Leobold M, Bézier A, Hugué E, Volkoff AN, Herniou EA. Endogenous viruses of parasitic wasps: variations on a common theme. *Curr Opin Virol*. 2017 Aug;25:41-48. doi: 10.1016/j.coviro.2017.07.002.

Pichon A, Bézier A, Urbach S, Aury JM, Jouan V, Ravallec M, Guy J, Cousserans F, Thézé J, Gauthier J, Demetree E, Schmieder S, Wurmser F, Sibut V, Poirié M, Colinet D, da Silva C, Couloux A, Barbe V, Drezen JM, Volkoff AN. Recurrent DNA virus domestication leading to different parasite virulence strategies. *Sci Adv*. 2015 Nov 27;1(10):e1501150. doi: 10.1126/sciadv.1501150.

Herniou EA, Hugué E, Thézé J, Bézier A, Periquet G, Drezen JM. When parasitic wasps hijacked viruses: genomic and functional evolution of polydnviruses. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 2013 Aug 12;368(1626):20130051. doi: 10.1098/rstb.2013.0051.

Bézier A, Louis F, Jancek S, Periquet G, Thézé J, Gyapay G, Musset K, Lesobre J, Lenoble P, Dupuy C, Gundersen-Rindal D, Herniou EA, Drezen JM. Functional endogenous viral elements in the genome of the parasitoid wasp *Cotesia congregata*: insights into the evolutionary dynamics of bracoviruses. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 2013 Aug 12;368(1626):20130047. doi: 10.1098/rstb.2013.0047.

Bézier A, Annaheim M, Herbinière J, Wetterwald C, Gyapay G, Bernard-Samain S, Wincker P, Roditi I, Heller M, Belghazi M, Pfister-Wilhem R, Periquet G, Dupuy C, Hugué E, Volkoff AN, Lanzrein B, Drezen JM. Polydnviruses of braconid wasps derive from an ancestral nudivirus. *Science*. 2009 Feb 13;323(5916):926-30. doi: 10.1126/science.1166788.

Financement

Pendant le projet de thèse l'étudiant bénéficiera de financements sur projets obtenus par le laboratoire.