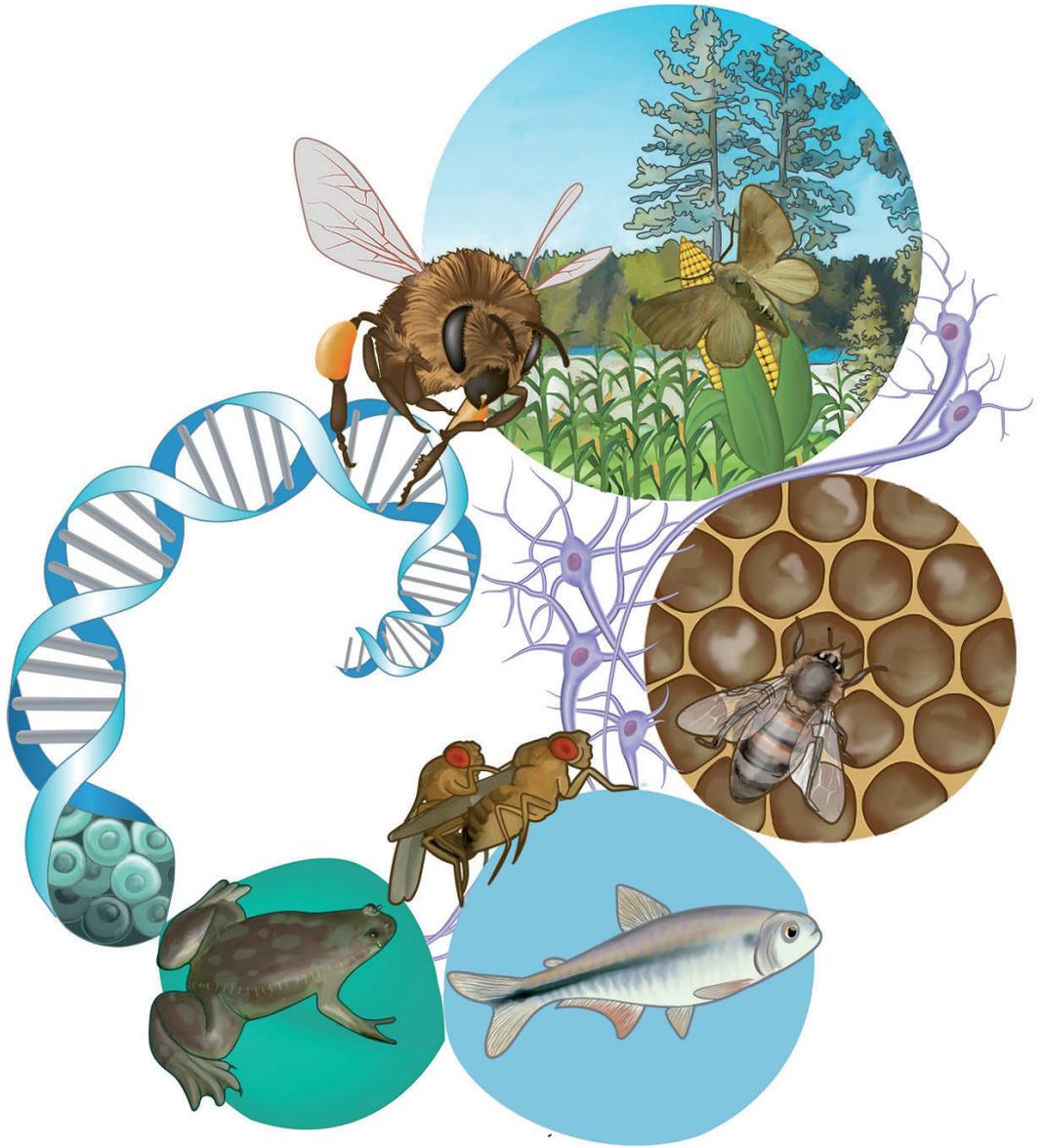


Recherches et activités



EVOLUTION
GENOMES
COMPORTEMENT
ÉCOLOGIE

EGCE



Services généraux

Assistantes de Prévention

B. Denis AI CNRS*
H. Legout AI CNRS*

Gestion des déchets

C. Capdevielle-Dulac IE IRD*
B. Denis AI CNRS*
H. Legout AI CNRS*

Correspondante Formation

E. Robillard AI CNRS*

Plateaux techniques

Laverie-Milieux-Elevages

C. Moreno IE CNRS*
O. Giraudier AJTPS CNRS
S. Nortier AJTPS CNRS
M. Rodrigues Bonneau TCS CNRS*

Séquençage

Resp. D. Ogereau IE CNRS*
C. Capdevielle-Dulac IE IRD*
I. Clavereau TCS CNRS*
I. Germon AI CNRS*
M. Rodrigues-Bonneau TCS CNRS*

Génotypage

C. Capdevielle-Dulac IE IRD*
H. Legout AI CNRS*

Imagerie

Macroscopie – fluorescence :

P. Laurenti MC P7
B. Denis AI CNRS*
E. Robillard AI CNRS*

Confocal – imagerie calcique :

J-C. Sandoz DR CNRS

Administratrice

S. Apruzzese-Serazin

Directrice

C. Montchamp-Moreau

Directrices Adjointes

M. Harry
D. Joly

Administration – Gestion

S. Apruzzese-Serazin AI CNRS
A. Amirault TCN IRD
H. Thibault TCE CNRS
B. SostAJT CNRS

Communication

S. Salamitou CR CNRS

Systèmes et Réseaux

J-B. Emond IE CNRS*
D. Ogereau (suppléant) IE CNRS*

Evolution et génomes

Réseaux de gènes, développement et évolution

D. Casane Pr P7
V. Borday-Birraux MC P7
J-L. Da Lage CR CNRS
P. Laurenti MC P7 CNRS
A. Michel-Salzat MC P7
I. Germon AI CNRS*
M. Rodrigues Bonneau TCS CNRS*

Interactions génétiques et gènes invasifs dans les populations

A. Hua Van MC UPSud
S. Aulard MC P6
P. Capy Pr UPSud
J. R. David DREM CNRS
A. Le Rouzic CR CNRS
C. Montchamp-Moreau DR CNRS
I. Clavereau TCS CNRS*
D. Ogereau IE CNRS*
E. Robillard AI CNRS*

Polypléidie, architecture et complexité des génomes

N. Pollet CR CNRS
J. Filée CR CNRS
J-M. Rossignol PREM UPSud
J-B. Emond IE CNRS*

Evolution et écologie

Diversité, écologie et évolution des insectes tropicaux

L. Kaiser / O. Dangles

Systématique, phylogéographie

P. Le Gall CR IRD
B. Le Ru DR IRD
J-F. Silvain DR IRD

Génomique des populations, génomique

S. Dupas CR IRD
M. Harry Pr UPSud
F. Mougel MC UPSud
R. Pasquet CR IRD
Ethnophysologie

P.-A. Calatayud CR IRD

L. Kaiser-Arnauld CR CNRS

Ecologie des communautés

O. Dangles DR IRD
F. Rebaudo IR IRD
Y. Carton DREM CNRS

Pôle technique

C. Capdevielle-Dulac IE IRD*
R. Jeannette TR IRD

Evolution et comportement

Cognition, reproduction et adaptation chez l'abeille

J-C Sandoz DR CNRS
G. Arnold DREM CNRS
L. Garnery MC UVSQ
V. Larcher AI CNRS
H. Legout AI CNRS*

Evolution et plasticité des capacités cognitives

F. Méry CR CNRS
C. Moreno IE CNRS*

Phéromones, alimentation, chimioréception et sélection sexuelle

F. Marion-Poll Pr AgroParisTech
D. Joly DR CNRS
C. Wicker-Thomas DR CNRS
G. Claisse IE CNRS
B. Denis AI CNRS*

Personnel permanent : 50
Personnel non permanent : 27

Chercheurs : CNRS : 12 - IRD : 7
Enseignants chercheurs : 11
ITA : CNRS : 16 - IRD : 4

Sommaire

- 2 Organigramme
- 4 EGCE en bref

- 5 **Pôle évolution et génomes**
- 6 Polyploïdie, architecture et complexité des génomes
- 8 Interactions génétiques et gènes invasifs dans les populations
- 10 Réseaux de gènes, développement et évolution

- 13 **Pôle évolution et écologie**
- 14 Diversité, écologie et évolution des insectes tropicaux

- 19 **Pôle évolution et comportement**
- 20 Cognition, reproduction et adaptation chez l'abeille
- 24 Evolution et plasticité des capacités cognitives
- 26 Phéromones, alimentation, chimioréception et sélection sexuelle

- 29 Plateaux techniques

Pôle évolution et génomes

Equipe Polyploïdie, architecture et complexité des génomes

Xénope @ N. Pollet

Combien faut-il considérer de génomes pour étudier l'évolution d'un organisme ? Peut-on parler d'organisme pluriel en considérant un hôte et les microorganismes qu'il héberge ? La taille du génome d'un organisme est-elle proportionnelle à sa complexité ? Comment les éléments génétiques mobiles se déplacent-ils au sein des génomes géants des amphibiens ?

Le terme hologénome désigne le génome collectif d'un hôte et de ses symbiotes (par exemple une grenouille avec les bactéries et autres microorganismes présents sur sa peau ou dans son tube digestif). Le concept a récemment émergé avec également les notions d'holobiontes (les bactéries symbiotes) et d'holobiome (ou hologénome). Les études des hologénomes pourraient donner des informations sur l'état de santé des organismes. Ainsi les scientifiques pensent que la flore commensale sur la peau des amphibiens qui sont victimes d'un déclin important dans le milieu naturel pourrait jouer un grand rôle dans la sensibilité de ces animaux à de nouveaux pathogènes comme les champignons microscopiques (ou chytrides) ou les virus.



Divers amphibiens @ N. Pollet

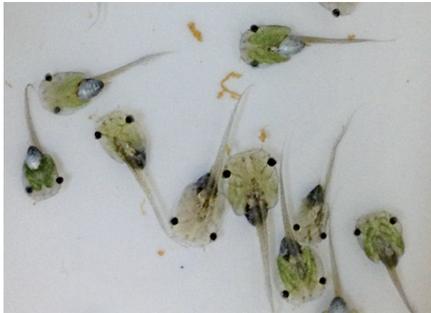
Le microbiome de la peau du xénope (*Xenopus tropicalis*) est en cours de séquençage à partir de xénopes élevés en conditions de laboratoire. Par la suite les chercheurs s'intéresseront à des individus vivant en milieu naturel et à d'autres espèces comme *Lissotriton helveticus* (triton palmé) pour établir des comparaisons de profils d'expression des gènes caractéristiques de l'état libre ou de la vie en laboratoire.

Le séquençage du microbiome intestinal de xénope est également en projet pour caractériser les symbiontes et les microorganismes qui vivent dans les intestins d'un vertébré.



Triton palmé @ N. Pollet

Les recherches portent aussi sur les génomes de taille extrême et la valeur C qui caractérise la taille d'un génome. La communauté des chercheurs a d'abord pensé que plus un organisme était complexe plus il devait avoir un grand génome. Mais les expériences ont montré que cette idée était fautive : le maïs et l'homme ont un génome à peu près de même taille alors que l'homme apparaît plus complexe que le maïs. C'est le paradoxe de la valeur C. De plus, chez les xénopes il existe des espèces proches phylogénétiquement dont la taille du génome varie d'un ordre de grandeur.



Tétards de xénope Gabon @ N. Pollet

Au laboratoire EGCE les chercheurs tentent de mettre en relation chez différentes espèces de xénopes, les caractères génomiques, cellulaires et développementaux avec la taille de leurs génomes pour répondre aux questions suivantes : quel est l'impact de différentes quantités d'ADN sur la physiologie et le développement chez ces animaux ? Quels sont les mécanismes de formation et de maintien de la polyploïdie chez les xénopes ?

Cette équipe fait également des missions sur le terrain soit sur le plateau de Saclay, soit en Afrique qui visent à caractériser la diversité des amphibiens présents et à rechercher des éventuels pathogènes.

Enfin, l'équipe s'intéresse à la dynamique du génome. Là encore les recherches récentes ont montré que le génome n'était pas un élément figé. Le génome est le siège de nombreux mouvements de séquence : mosaïcisme, transferts horizontaux ou polyploïdisation. Les différentes espèces de xénopes servent de modèles d'étude pour répondre aux questions suivantes : quelles sont les dynamiques des éléments transposables et des autres séquences répétées dans les génomes de ces espèces ? Quels sont les mécanismes de régulation de ces dynamiques ?

Pour en savoir plus : Nicolas Pollet (Hologénome), Jonathan Filée et Jean-Michel Rossignol (Dynamique du génome)



Triton palmé @N. Pollet

Equipe Interactions génétiques et gènes invasifs dans les populations



Drosophila melanogaster @ équipe Iggipop

Qu'appelle-t-on ADN égoïste ? Comment certaines séquences d'ADN se répandent-elles dans les génomes en modifiant le sexe-ratio ?

Le génome, ensemble de la séquence ADN d'un individu, peut être considéré comme un énorme programme où sont stockées des informations fonctionnelles et les directives pour les exécuter correctement, le tout sous forme de modules distincts (par exemples des gènes) interagissant entre eux au sein de réseaux complexes. Les modifications de la séquence ADN peuvent induire de nombreux changements tant structurels que fonctionnels. Par exemple, le fonctionnement d'un réseau de gènes peut se trouver perturbé par une mutation dans un des gènes.

Contrairement à la plupart des gènes qui fonctionnent de façon à contribuer au développement harmonieux des organismes, il existe dans les génomes des entités qui ne coopèrent pas, mais qui œuvrent à leur propre survie au sein du génome plutôt qu'à la survie de l'ensemble. Ces entités sont des séquences ADN dites égoïstes, qui se multiplient au sein des génomes ou se répandent comme une épidémie au sein des populations. Cette catégorie de « gènes invasifs » regroupe ce que l'on appelle les distorateurs de ségrégation et les éléments transposables. Leur capacité invasive résulte de leur propre mode de fonctionnement mais dépend aussi du génome qui les porte.

Dans l'équipe, nous nous intéressons à l'impact sur l'évolution et la capacité à évoluer des espèces et des populations, (i) des modifications qui apparaissent au sein des réseaux de gènes et (ii) de l'activité des gènes invasifs, en lien avec leur environnement génomique. Nous menons des recherches à la fois expérimentales et théoriques.

Éléments transposables



Expression d'un transposon dans l'oeil d'une drosophile @ S Picot

Les éléments transposables se maintiennent dans les génomes et les populations grâce à leurs propriétés invasives (multiplication dans le génome, et transmission efficace à la descendance). Leur expansion a cependant des limites et la phase d'invasion est suivie en général par une phase de stabilisation durant laquelle les éléments sont inactifs. Ce cycle peut recommencer si des éléments s'échappent pour coloniser le génome d'une autre espèce (un phénomène appelé transfert horizontal). La dynamique d'un élément transposable est la résultante de sa capacité à se multiplier et à transférer horizontalement, de la mise en place de régulations, de l'action de la sélection, de son inactivation progressive par mutations, et de la compétition entre copies d'une même famille d'élément.

Nous étudions l'invasion, les systèmes de régulation et les interactions entre copies d'un même élément dans des populations expérimentales et dans les populations naturelles de drosophiles avec notre élément modèle, *mariner*. Par ailleurs, les données génomiques disponibles pour de nombreuses espèces nous servent à développer de nouvelles méthodes d'analyse pour l'étude de l'activité de transposition et d'événements de transferts horizontaux.

Distorteurs de ségrégation

Les distorteurs de ségrégation Paris de *D. simulans* sont portés par le chromosome X. Actifs chez les mâles, ils favorisent leur propre transmission aux descendants en empêchant le chromosome Y de se transmettre dans les spermatozoïdes. Ainsi, dans les populations où ce type de distorteur se répand, la plupart des individus sont des femelles, et les mâles sont rares, ce qui peut mettre en danger la survie de la population et génère un conflit entre les distorteurs et le reste du génome. Des éléments suppresseurs peuvent alors apparaître sur d'autres chromosomes pour contrebalancer les effets des distorteurs et rétablir un sexe ratio équilibré. Nos travaux visent à identifier moléculairement les éléments distorteurs, et suppresseurs et comprendre leur fonction et leur impact sur la structure du génome et l'état de la chromatine (cartographie génétique, analyse fonctionnelle, transcriptomique comparative).

Nous suivons aussi, en temps réel, la dynamique d'expansion des distorteurs et des suppresseurs dans les populations naturelles. Cette étude permet de mieux comprendre comment fonctionnent et interagissent ces deux types d'éléments dans le conflit génomique qui les oppose.



Drosophile sur un fruit de morinda aux Seychelles @ V Debat

Structure génétique des populations naturelles de Drosophiles

La spécialisation écologique d'une population insulaire de *Drosophila melanogaster* sur un fruit très toxique, le morinda, fait l'objet d'une recherche originale sur une probable spéciation en cours. La signification adaptative et la base génétique d'un dimorphisme (deux morphes coexistent et se distinguent par le niveau de pigmentation de l'abdomen), limité aux femelles est également en cours d'étude.

Bases théoriques de l'évolution et de la capacité à évoluer

Au delà de ces exemples précis, qui fournissent un grand nombre de données, nous nous attachons également à développer un cadre théorique général de l'évolution des bases génétiques des caractères complexes à travers deux approches : simuler l'évolution d'une population à long terme sous différentes pressions de sélection et développer des modèles statistiques pour mesurer et quantifier des paramètres liés à l'évolution.

Pour en savoir plus: Aurélie Hua Van (Transposons), Catherine Montchamp-Moreau (Distorteurs), Jean David (Populations), Arnaud Le Rouzic (Bases théoriques), Sylvie Aulard (Structure des chromosomes)

Equipe Réseaux de gènes, développement et évolution

Hox1-HOXD1_Scyliorhinus	cani	<E>*PSTA*	RTN	FTTKQL	TELEKEFHFN	KYL	TR	RR	VEI	ANALQL	SETQ	K	WFQN	RRM	KQ	KKR*				
Hox2-HOXD2_Scyliorhinus	cani	*SSRRL*	TY	NT	L		Y	R	C	P	AL	D	T	R	U	H	RQT			
Hox3-HOXD3_Scyliorhinus	cani	*SSKR*	AY	SA	V		R	C	P	M	L	N	T	R	I	Y	DQ			
Hox4-HOXD4_Scyliorhinus	cani	GE	KRS*	AY	RQ	VL		R	R	I	HT	C	R	I		W	D*			
Hox5-HOXD5_Scyliorhinus	cani	G**KRT*	AY	RY	TL		Y	R	R	I	H	C	T	R	I	W	D*			
Hox8-HOXD8_Scyliorhinus	cani	**RRR*	QTY	SRF	TL		L	P	K	I	VSH	G	T	R		W	E*			
Hox9-HOXD9_Scyliorhinus	cani	***TRKK	CPY	KY	TL		L	M	D	Y	U	R	I	N	T	R	M	MY		
Hox10-HOXD10_Scyliorhinus	ca	***GRKK	CPY	KY	TL		L	M	E	L	SKS	JN	TDR			L	MY			
Hox11-HOXD11_Scyliorhinus	ca	LRCRKK*	CPY	KY	IR		R	F	U	IN	KEK	L	QLSR	M	N	TDR	E	***		
Hox12-HOXD12_Scyliorhinus	ca	URSRRK*	KPY	KQ	IA		N	LA	EFIN	QK	K	LSDR	N	DQ			K	***		
Hox13-HOXD13_Scyliorhinus	ca	RRGRKK*	UPY	KT	K		R	YAT	FI	KEK	RR	STTTN	R	T			U	E	***	
Hox14-HOXD14_Scyliorhinus	ca	HRQRKK*	IPY	SKQ	I		MA	EN	RF	PEU	LN	SFK	G	T	R		Q	Q	E	***

Qu'appelle t-on «gènes architectes»? Peut-on caractériser des gènes spécifiques du mode de vie d'une espèce? A quoi servent les différentes copies d'un même gène?

Les gènes portent l'information nécessaire à la formation et au fonctionnement des cellules et des organismes. Transmis de génération en génération, ils assurent le voyage de cette information dans le temps. Mais cette information n'est pas immuable car les gènes évoluent. L'équipe s'intéresse aux multiples modalités de l'évolution de groupes de gènes apparentés (issus d'un même gène ancestral par duplication) appelés familles multigéniques.

Réseaux de gènes et développement

Un œuf, résultat de la fusion d'un ovule et d'un spermatozoïde, est une cellule unique et totipotente. Comment peut-il être à l'origine d'un être vivant présentant une morphologie complexe et composé d'un grand nombre de types cellulaires différenciés ? Ce sont les gènes « architectes », exprimés de façon dynamique et différentielle dans les tissus en construction, qui confèrent progressivement une identité particulière à tel ou tel groupe de cellules au cours de l'embryogenèse. Les chercheurs de l'équipe analysent les variations d'expression des gènes de familles multigéniques dans l'embryon d'espèces de vertébrés osseux, comme le poisson zèbre, ou de vertébrés cartilagineux comme le requin roussette. Ils s'intéressent aux gènes



Squelette de roussette marqué au rouge d'alizarine (os dermique) et au bleu alcyon (cartilage); expression du gène *d/x3* dans les dents présentées en vue ventrale de la mâchoire (panneau bas) et dans les écailles caudales présentées en vue latérale (panneau haut) @ V Borday-Birraux

architectes et aux gènes qui codent pour les molécules de la famille des collagènes, Ces études permettent de reconstruire le scénario évolutif qui a conduit à la formation d'organes répétés comme les vertèbres, les côtes, les arcs branchiaux pharyngiens, les dents ou les écailles.

Rôle de la démographie et de l'adaptation dans l'évolution des génomes

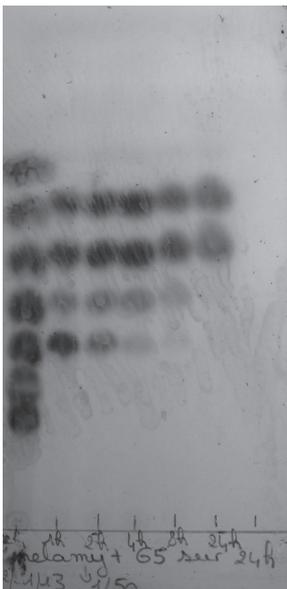
Les gènes sont des blocs d'informations portés par l'ADN des chromosomes nichés au cœur des noyaux des cellules eucaryotes. Cette information est transcrite sous la forme d'ARN messagers qui voyagent dans la cellule et sont décodés au niveau des ribosomes pour former des protéines. Il existe désormais un ensemble de techniques regroupées sous le nom de transcriptomique, qui permettent de lire l'ensemble des ARN messagers (ou transcriptome) présents dans un échantillon.

Les chercheurs comparent les transcriptomes pour caractériser des mutations impliquées dans l'adaptation physiologique, morphologique et comportementale de populations chez les poissons cavernicoles de l'espèce *Astyanax mexicanus*. Il existe deux formes d'individus, appelées morphotypes, chez ces poissons : l'un est représenté par des poissons de surface tandis que l'autre se caractérise par des poissons qui vivent dans l'obscurité des cavernes. La comparaison des transcriptomes des deux catégories de poissons permet d'identifier les gènes qui ont une différence de séquence et/ou de niveau d'expression entre populations adaptées à la vie cavernicole et celles adaptées à la vie de surface.



Deux populations d'*Astyanax mexicanus*, vivant l'une en surface (g) et l'autre dans des grottes au Mexique (d) @ D Casane

Rôle de l'amylase dans les régimes alimentaires et l'adaptation des populations et des espèces



Action de l'amylase sur un oligosaccharide @ JL Da Lage

L'existence de copies multiples d'un gène ancestral ne concerne pas uniquement les gènes impliqués dans l'embryogenèse. En effet, des familles multigéniques jouent un rôle majeur dans divers processus métaboliques. C'est le cas notamment de la famille des amylases qui jouent un rôle primordial dans le métabolisme des glucides en digérant l'amidon.

Chez de très nombreux organismes, il existe plusieurs gènes qui codent chacun une amylase. Certaines de ces copies sont sensiblement différentes des amylases classiques. Ces différences sont-elles liées à des usages cellulaires différents ? Ces différences sont-elles le témoin d'adaptations évolutives à ces usages différents ? Pour répondre à ces questions, les chercheurs utilisent une approche fonctionnelle qui consiste à comparer les propriétés enzymologiques d'une enzyme témoin (l'enzyme de *Drosophila melanogaster* produite *in vitro*) avec celles de variants rencontrés dans la nature, en particulier l'enzyme apparentée appelée Amyrel, qui a des propriétés originales. En collaboration avec l'équipe PACS, les chercheurs tentent de préciser le rôle des membres de la famille multigénique des amylases en cherchant à déterminer si ces gènes sont impliqués dans les détectations gustatives par les drosophiles des sucres simples, ou oligosaccharides.

Pour en savoir plus : Véronique Borday-Birraux et Patrick Laurenti (Réseaux de gènes et Développement), Didier Casane et Alice Michel-Salzat (Adaptation), Jean-Luc Da Lage (Amylases)



Paysage de cultures dans les Andes @ O. Dangles

Pôle évolution et écologie

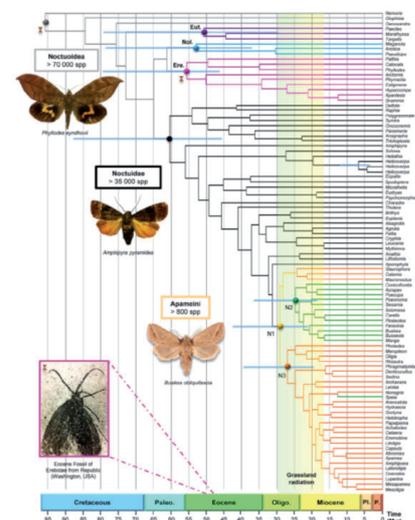
Equipe Diversité, écologie et évolution des insectes tropicaux



Glacier d'Amérique du Sud @ O. Dangles

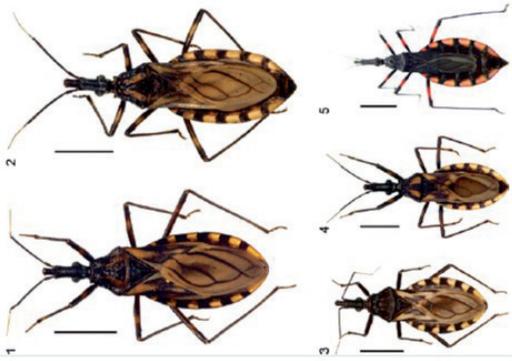
En réponse aux changements paysagers et climatiques liés aux activités humaines, certains insectes peuvent disparaître et d'autres envahir les socio-écosystèmes en se déplaçant ou s'adaptant. Quels sont les mécanismes écologiques, comportementaux, et génétiques sous-jacents ? Quelles sont les conséquences en termes de risques pour la biodiversité et pour les sociétés humaines ?

Face aux enjeux majeurs que représente la gestion des insectes ravageurs des cultures, vecteurs de maladies, ou comestibles, pour les populations humaines du Sud, l'équipe DEEIT étudie plusieurs groupes de ces insectes tropicaux. Elle analyse les réponses des insectes en couplant terrain, expérimentation et théorie, par les approches de la systématique, de l'écologie, de la génétique et la génomique des populations, de la physiologie du comportement et de ses acteurs moléculaires, et de la modélisation.



Phylogénie de noctuelles @ EFA Toussaint et al, 2012 PLOS ONE. e41377

Diversité faunistique, phylogénie et évolution des communautés d'insectes et de leurs hôte



Complexe d'espèce de *Triatoma brasiliensis* @ A. Marchant

L'équipe contribue à la connaissance des espèces d'insectes en Amazonie, dans les Andes, en Afrique de l'Est et en Afrique Centrale. Ceci permet par exemple de proposer une révision de la classification des papillons foreurs de plantes herbacées sauvages et céréalières en Afrique sub-saharienne, et de comprendre leur histoire évolutive et leur spécialisation sur leur plante hôte, par analyse parallèle de la phylogénie des noctuelles et de celle de leurs plantes. Par ailleurs, les relations de parenté entre espèces sont étudiées en comparant la séquence d'un grand nombre de gènes, grâce aux technologies de séquençage à haut débit (phylogénomique). Cette approche est appliquée aux punaises hématophages Triatominae d'Amérique Latine, vecteurs de la maladie de Chagas, afin de documenter leur histoire

évolutive. De plus la diversité des hôtes vertébrés sur lesquels ces punaises se nourrissent est étudiée par séquençage du contenu de leur tube digestif (metabarcoding).

En Afrique centrale, où sévit une mycobactérie provoquant l'Ulcère de Buruli, le séquençage haut-débit permet d'identifier les espèces d'insectes qui hébergent la bactérie et peuvent potentiellement la transmettre (description des espèces de punaises aquatiques, et inventaire des espèces d'insectes présentes dans les maisons).

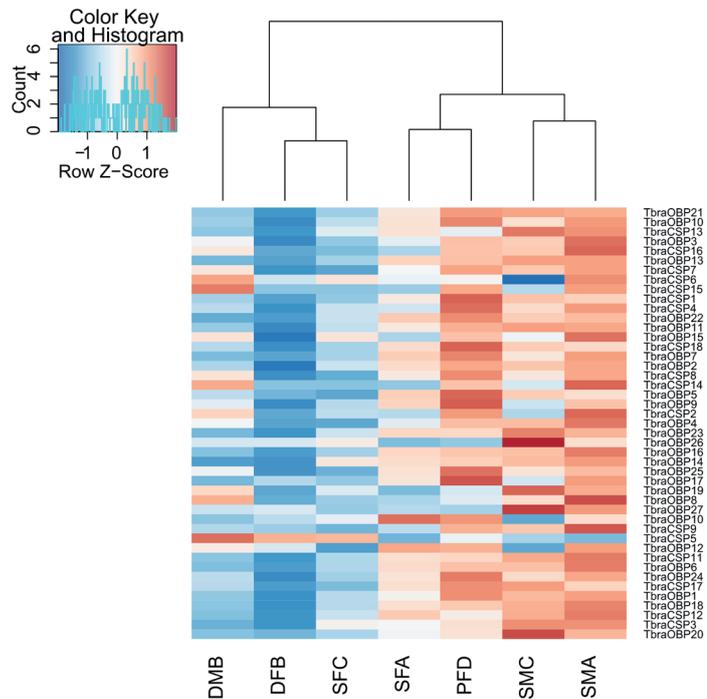
Dans les Andes, l'impact du recul des glaciers est analysé sur les communautés d'arthropodes peuplant le réseau des ruisseaux glaciaires, et leur composition en espèces est expliquée par les variations spatio-temporelles des paramètres hydro-climatiques.

Mécanismes de l'adaptation

Au sein des groupes d'insectes étudiés par l'équipe, certaines espèces sont restées dans leurs environnements d'origine, d'autres se sont adaptées à des environnements modifiés par l'homme. Les mécanismes de ces adaptations (plasticité

phénotypique/ adaptation génétique) sont

étudiés à différentes échelles: l'individu, la population, ou l'espèce sur une plus longue échelle de temps. L'adaptation génétique est recherchée en privilégiant les nouvelles technologies de séquençage à haut débit et en profitant de la connaissance des génomes. Ainsi la comparaison de transcriptomes entre populations prélevées dans des milieux de vie plus ou moins anthropisés permet d'identifier les gènes potentiellement impliqués dans ces adaptations (sésamies issues de plantes sauvages ou du maïs, punaises hématophages sylvatiques ou domiciliées). L'équipe étudie plus particulièrement les gènes



Transcriptome chez *T. brasiliensis* @ A. Marchant



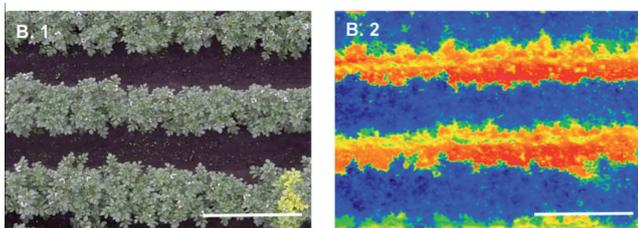
Cotesia sesamiae sur une chenille de sésamie. @ P. Goetgelück



du système chimiosensoriel et l'évolution du répertoire de ces gènes selon l'habitat des punaises afin de développer des méthodes alternatives de lutte contre ces vecteurs. Une autre approche consiste à rechercher les associations existantes entre le polymorphisme de l'ADN et des variations de traits d'histoire de vie (association génotype-phénotype). L'équipe étudie ainsi d'une part l'adaptation des petites guêpes parasites *Cotesia sesamiae* à leurs chenilles hôtes, foreuses de plantes herbacées, dans la perspective de développer leur utilisation en lutte biologique contre des noctuelles du maïs en Afrique, et d'autre part la résistance d'une de ces noctuelles, *Busseola fusca*, au maïs transgénique Bt.

Pour à terme établir le lien entre gènes et fonctions biologiques, l'équipe étudie également les organes sensoriels mis en œuvre dans la reconnaissance des plantes par les chenilles et adultes de noctuelles, et des chenilles par leurs guêpes parasites.

Structure, dynamique et gestion des populations d'insectes



Carte thermique: champ de pommes-de-terre en caméra classique (B1) ou dans l'IR (B2) @ E Faye

Comprendre la dynamique des populations pour mieux les gérer nécessite une prise en compte simultanée des systèmes écologiques et du fonctionnement des sociétés humaines. On parle alors du socio-écosystème. Pour comprendre la dynamique des populations de ravageurs et de vecteurs et établir des cartes de risques, les chercheurs de l'équipe mettent en œuvre des approches d'écologie quantitative, d'écologie thermique et de génétique et génomique des populations.

À partir des jeux de données et des connaissances ainsi acquises, des modèles corrélatifs (e.g., bayésiens) et mécanistiques (e.g., multi-agents) sont développés pour établir des scénarios d'évolution de la dynamique des populations de ces insectes, à l'échelle de paysages du socio-écosystème, et intégrant les comportements humains et pratiques sociales. Ces modèles sont actuellement travaillés sur les insectes foreurs en Afrique de l'Est, aux ravageurs de la pomme de terre, du quinoa et du lupin dans les Andes, et aux vecteurs de la maladie de Chagas en Amazonie.

Pour valoriser et développer l'utilisation de certains insectes, sauvages ou d'élevage, en tant que ressource nutritive pour l'homme et pour des animaux d'élevage (poulets, porcs, poissons) en Afrique Centrale, les chercheurs s'intéressent à la diversité des insectes forestiers et à sa contribution à l'alimentation des villages. Les rhynchophores, par exemple, sont largement consommés en Afrique. Les scientifiques participent également au développement de méthodes d'élevage d'insectes comestibles visant à améliorer leur production dans de petites entreprises, et étudient corollairement l'adaptation de ces insectes aux conditions d'élevage.



Larves de *Rhynchophorus phoenicis* @ P. Le Gall

Histoire des sciences

Dans l'équipe DEEIT, l'homme n'est pas seulement considéré dans sa relation aux insectes dans les contextes d'alimentation et de santé, mais aussi comme acteur et auteur de la connaissance scientifique.

Ainsi Yves Carton, directeur de recherche émérite au CNRS, explore l'histoire des sciences depuis 2009. Ses sujets favoris, qui font l'objet de conférences et de livres, sont l'histoire de la coopération franco-américaine pour le sauvetage de la vigne contre le phylloxera, l'histoire de

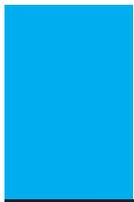


la lutte biologique, l'importance de l'entomologie dans l'œuvre de Darwin et la diffusion du darwinisme en France, sans oublier l'histoire de la génétique évolutive au CNRS.



Yves Carton a publié trois livres sur le darwinisme ou l'entomologie @S. Salamitou

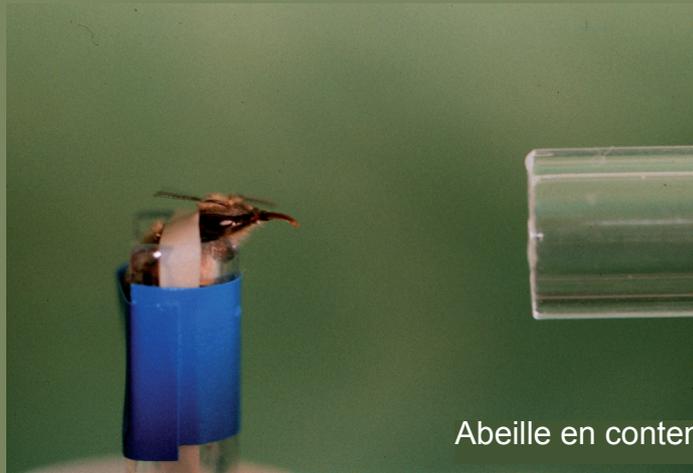
Pour en savoir plus : Paul-André Calatayud (Afrique de l'Est, relations plantes-insectes) ; Olivier Dangles (Andes, écologie), Stéphane Dupas (modélisation en biologie évolutive) ; Myriam Harry (Amazonie, insectes vecteurs) ; Laure Kaiser-Arnauld (insectes parasitoïdes) ; Philippe Le Gall (Afrique centrale, insectes comestibles, insectes vecteurs) ; Bruno Le Rü (Afrique, Lépidoptères, écologie et systématique) ; Florence Mougél (génomique : cartographie et polymorphisme) ; François Rebaudo (Andes, modélisation) ; Jean-François Silvain (évolution et enjeux de la biodiversité); Yves Carton (histoire des sciences)



Dispositif expérimental pour drosophiles @ S. Salamitou

Pôle évolution et comportement

Equipe Cognition, reproduction et adaptation chez l'abeille



Abeille en contention @ équipe Evolbee

Comment les abeilles perçoivent-elles les odeurs florales lorsqu'elles vont chercher le nectar et le pollen dans le cœur des fleurs ? Est-ce que la reconnaissance d'expériences positives, comme manger, et négatives, comme se faire mal, passe par les mêmes circuits neuronaux ? Comment peut-on protéger les populations locales d'abeilles ?

Les abeilles montrent des adaptations remarquables à leur environnement. Afin de comprendre l'importance de ces adaptations et leur origine évolutive, l'équipe s'intéresse aux capacités de perception, d'apprentissage et de mémoire des abeilles à l'échelle de l'individu et de la colonie. Elle cherche aussi à comprendre les effets de certains dangers pour cet insecte comme les pesticides ou une espèce invasive, le frelon asiatique.

Evolution et bases nerveuses de l'olfaction

Le cerveau des hyménoptères présente deux sous-systèmes olfactifs indépendants impliqués dans la perception des odeurs, sous-tendus par des voies nerveuses pa-



Imagerie calcique @ équipe Evolbee

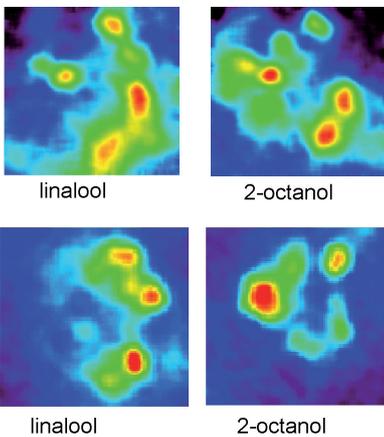
et
ral-

lèles. Quel est le rôle de cette organisation chez l'abeille domestique ? L'équipe a montré que les deux sous-systèmes sont spécialisés pour détecter différents composés clef de la vie de l'abeille (comme les phéromones de couvain ou de reine). Mais qu'en est-il des composés floraux complexes ou des hydrocarbures cuticulaires, cruciaux pour la reconnaissance des congénères dans la colonie ? Ces travaux sont menés dans une approche comparative, chez d'autres Hyménoptères comme les bourdons ou les frelons afin de comprendre les règles générales et l'origine de ce système olfactif particulier.



Capture de mâles en congrégation @ équipe Evolbee

Le comportement sexuel des abeilles est également étudié avec une approche comparative entre l'espèce domestique *Apis mellifera* et plusieurs espèces proches (genre *Apis*). Les signaux qui régulent la formation et le maintien des congrégations de mâles, les espaces où ont lieu les accouplements, sont relativement peu connus. Les chercheurs de l'équipe utilisent différentes approches pour étudier les adaptations spécifiques du système nerveux des mâles qui permettent leur détection : expériences d'orientation olfactive au laboratoire, imagerie calcique in vivo, analyse chimique, ou encore expression de récepteurs dans des systèmes hétérologues.



Signaux d'imagerie @ Equipe Evolbee

Bases comportementales et génétiques des apprentissages aversif et appétitif

Pour mener leur vie, les animaux apprennent à associer les signaux de leur environnement avec leurs conséquences positives (par ex. nourriture) ou négatives (par ex. douleur) donnant lieu à deux types d'apprentissages, respectivement appétitif et aversif. L'équipe étudie les bases génétiques, nerveuses et comportementales de ces deux formes d'apprentissage. Les chercheurs ont développé un protocole d'apprentissage aversif dans lequel l'abeille associe une odeur à un stimulus thermique. La question est de savoir quel est le déterminisme génétique de cet apprentissage et s'il existe des compromis évolutifs entre les capacités d'apprentissage appétitif et

aversif des abeilles.

Génétique évolutive de l'abeille et comportement reproducteur

Ce thème présente deux volets : l'un, fondamental, se propose de déterminer le scénario évolutif de l'espèce *Apis mellifera* et notamment de détecter l'origine ou le centre de dispersion de cette espèce. L'autre, plus appliqué, tend à protéger la sous-espèce *Apis mellifera mellifera* originaire de nos régions (abeille noire). L'abeille noire, bien adaptée à son environnement, tend néanmoins à être remplacée par des sous-espèces qui supportent moins bien notre climat mais qui ont la préférence des apiculteurs car elles produisent plus de miel. Pour protéger l'abeille noire un conservatoire génétique a été mis en place en Ile-de-France. Il sert déjà de pilote pour la mise en place et le développement de nombreux conservatoires en France et en Europe.



Pesée de ruche @ L. Garnery

Lutte contre les invasions biologiques : bases comportementales et nerveuses de l'olfaction chez le frelon asiatique

L'olfaction joue un rôle très important dans la biologie du frelon asiatique *Vespa velutina*, une espèce invasive qui est un redoutable prédateur des abeilles et d'autres insectes locaux. L'équipe étudie donc le comportement olfactif du frelon et le rôle de composés phéromonaux dans sa biologie, ainsi que le fonctionnement de son système olfactif. Ces recherches participent à l'élaboration de stratégies de lutte visant à limiter la reproduction de ce frelon ainsi que son impact sur les ruchers, par exemple grâce au développement de pièges à phéromones.



Frelon asiatique @ M.A. Arca

Effets létaux et sublétaux des pesticides sur les abeilles et leurs colonies

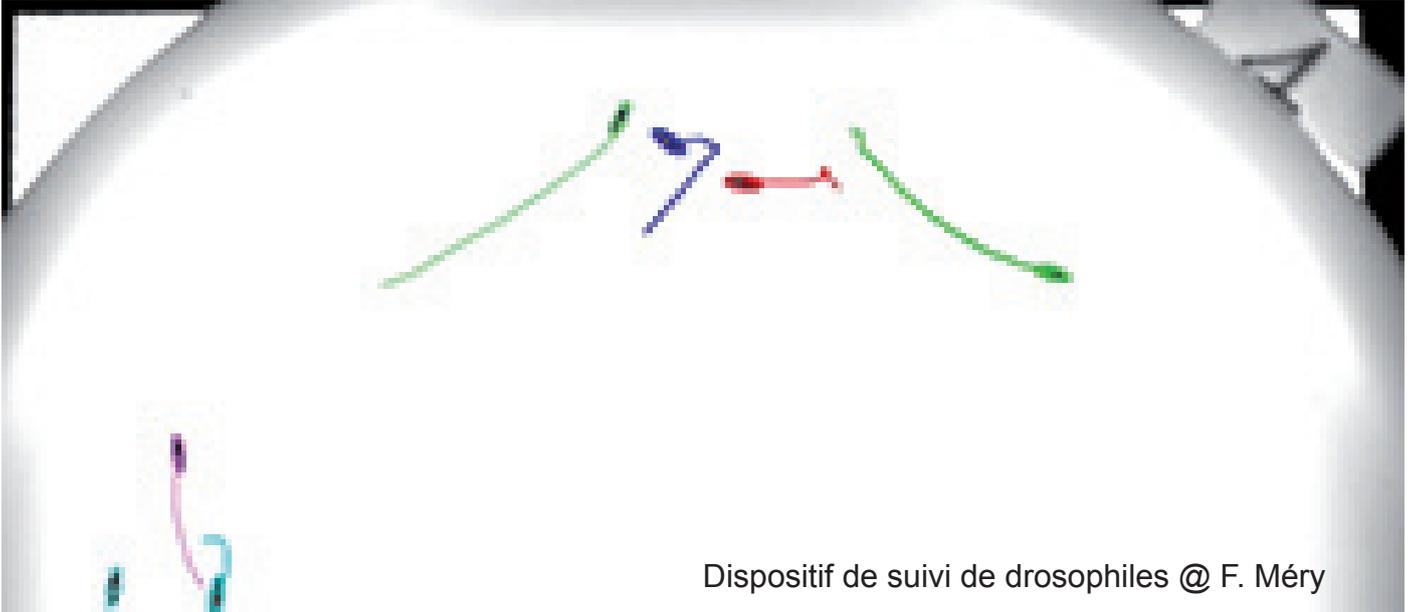
L'équipe met à profit les connaissances fondamentales acquises sur la biologie de l'abeille ainsi que sur ses capacités de perception et d'apprentissage pour évaluer l'impact de certains pesticides sur la santé et la cognition de cet insecte, en particulier à des doses n'induisant aucune mortalité (doses sublétales) mais pouvant avoir des effets délétères sévères sur le fonctionnement des colonies, et donc sur leur survie. Un des chercheurs de l'équipe est de plus très impliqué dans des comités d'expert français et européens, statuant sur les causes de la mortalité des abeilles. Il participe à la rédaction des nouvelles directives européennes sur l'homologation des pesticides.

Pour en savoir plus : Gérard Arnold (Effet des pesticides), Jean-Christophe Sandoz (Apprentissage), Lionel Garnery (Conservation)



Rayon de ruche @ S. Salamitou

Equipe Evolution et plasticité des capacités cognitives



Dispositif de suivi de drosophiles @ F. Méry

Comment l'information entre individus est-elle transmise dans les groupes de drosophiles ? Le groupe influence-t-il les capacités d'évolution d'un individu ? Quelle influence a l'environnement social sur le développement du cancer ?

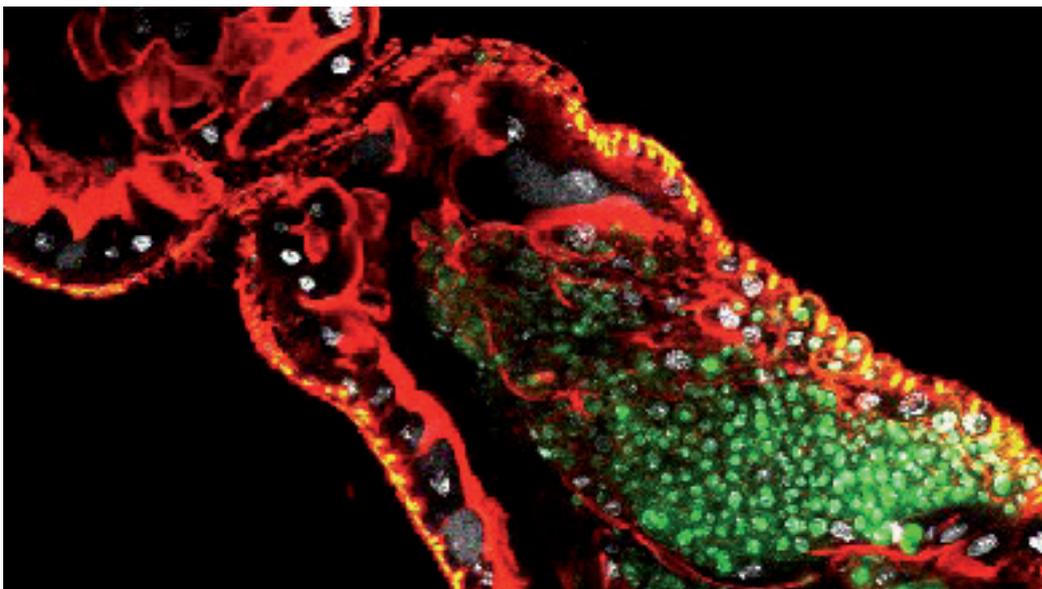
La grande majorité des animaux ne vivent pas de façon isolée mais développent des interactions avec leurs congénères. Ces interactions peuvent prendre diverses formes et varient entre les individus, les populations et les espèces. Jusqu'à présent, il a été accordé peu d'attention à l'effet de la composition de l'environnement social immédiat d'un individu (interaction avec d'autres individus) sur la plasticité et la capacité d'adaptation du comportement de cet individu. Pourtant il a été montré que la composition du groupe peut chez certains organismes avoir une influence sur les phénotypes individuels et certains caractères comme l'horloge circadienne, la synthèse de phéromones ou la recherche de nourriture. La plupart des modèles animaux utilisés dans de telles études sont des animaux très dépendants du contexte social comme les oiseaux, les rongeurs ou les insectes eusociaux comme l'abeille domestique.

Les principaux travaux de recherches de l'équipe sont au centre de ces problématiques. Il s'agit de comprendre l'impact de la composition du groupe sur le comportement et la physiologie de l'individu et comment ces modifications peuvent affecter à plus long terme la fitness et les processus évolutifs. Ces travaux sont basés essentiellement sur des études expérimentales en prenant la drosophile, *Drosophila melanogaster*, comme modèle biologique.

Le modèle drosophile permet partiellement de s'affranchir de la contrainte de la sociabilité et de pouvoir en particulier manipuler la composition et la taille des groupes sociaux puisque la drosophile n'est pas un insecte qui est inféodé à un contexte social strict. Ainsi il est possible de comprendre comment tel génotype peut interagir avec tel autre, comment des individus ayant cumulé certaines informations peuvent interagir avec des individus ayant d'autres informations ou comment varie la dynamique du groupe en fonction de sa taille. Récemment ces études expérimentales ont été couplées avec le développement de méthodes d'analyse de réseaux sociaux. Au sein de son groupe, un individu peut être considéré comme une partie, un nœud d'un réseau d'interactions sociales ayant des natures, des forces ou des dynamiques différentes. La structure d'un réseau social peut avoir un grand impact sur l'écologie et l'évolution des individus, des populations ou des espèces.

Ces méthodes ont été appliquées à différentes problématiques : i- la transmission sociale de l'information (par exemple le choix d'un milieu de ponte influencé par le groupe). ii- les comportements d'agrégation, iii- les interactions sociales et choix alimentaire et iv- l'impact des interactions sociales comme le contact entre drosophiles sur l'évolution de phénotypes.

Une autre problématique est d'étudier l'impact des processus tumoraux sur le comportement des individus. En particulier les chercheurs suivent la dynamique de développement du cancer en fonction de l'environnement social. Un modèle drosophile de cancer proche d'un cancer colorectal chez l'être humain a été développé en collaboration avec d'autres chercheurs.



Intestin de drosophile cancéreuse au microscope. Les cellules tumorales sont en vert @ J. Montagne

Equipe Phéromones, alimentation, chimioréception et sélection sexuelle



Agrotis ipsilon adulte @ PA. Calatayud

Comment les drosophiles choisissent-elles leurs partenaires sexuels ? Quel est l'impact des pesticides sur la reproduction et la sélection sexuelle ? Comment les insectes parviennent-ils à éviter de manger des aliments toxiques ? Comment les drosophiles s'adaptent-elles aux conditions de l'environnement ?

Cette équipe poursuit des travaux d'intérêt fondamental mais également d'autres à visée plus appliquée. En effet, les approches et méthodologies développées sur la drosophile sont appliquées à différents modèles d'insectes par exemple dans le cadre de l'entomoculture pour la production de protéines et de lipides.

Sélection sexuelle, régimes d'accouplement et reproduction

Le choix du partenaire est essentiel dans la reproduction sexuée afin de limiter les accouplements peu ou pas fertiles. Nous étudions chez les drosophiles les adaptations de chaque sexe dans le contrôle de la paternité. Plus spécifiquement nous analysons le rôle des protéines contenues dans le sperme dans l'évolution de la polyandrie (plusieurs partenaires pour une même femelle). Les effets de pesticides dits naturels sur la reproduction et la sélection sexuelle sont également étudiés.



Injection dans une drosophile
@ B. Denis

Phéromones et isolement reproducteur

Les phéromones jouent un rôle prépondérant dans la reconnaissance des partenaires sexuels. Nous étudions le rôle du répertoire phéromonal de chaque sexe dans l'isolement reproducteur et la spéciation. Son importance a été mise en évidence dans l'isolement reproducteur entre espèces (*D. melanogaster* et *D. simulans*) et entre populations d'une même espèce. Nous avons montré que la production de phéromones femelles est elle-même régulée par des hormones et serait inhibée par l'accouplement et les protéines du fluide séminal.

Alimentation

S'alimenter est une nécessité pour survivre. Les insectes montrent une grande souplesse d'adaptation dans leur comportement alimentaire. Les chercheurs s'intéressent à la perception du goût (gustation) pour expliquer comment les insectes évitent le contact avec des ressources toxiques. Ils recherchent les molécules qui peuvent se fixer sur les récepteurs impliqués. Ils étudient la physiologie des neurones et le codage nerveux ainsi que le rôle de cette inhibition vis-à-vis des substances toxiques dans le déterminisme du comportement. Ces approches sont appliquées à des insectes ravageurs des cultures en interaction avec le pôle écologie, et à des insectes destinés à l'alimentation animale ou humaine.

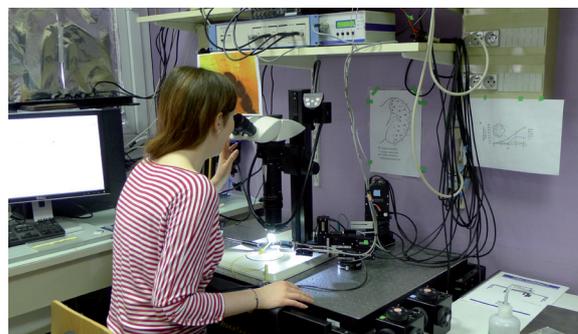


Expérience sur la nutrition des drosophiles @ F. Marion-Poll

Adaptation et génomique écologique

Face aux changements environnementaux, les espèces et les populations peuvent s'adapter, migrer ou disparaître. Notre connaissance de la capacité des organismes à faire face à ces changements reste très partielle et les chercheurs abordent ces questions par deux approches. La première explore le rôle des divergences d'expression de gènes dans l'adaptation à des ressources alimentaires variées. La seconde approche concerne l'espèce *D. subobscura*, largement répandue en Europe, et pour laquelle nous étudions la variation d'expression de gènes en fonction de la température dans les conditions naturelles. Des expériences de transplantation aux extrêmes d'un cline de latitude entre l'Espagne et la Suède ont également été réalisés.

Pour en savoir plus : Dominique Joly (Sélection sexuelle et Adaptation), Claude Wicker-Thomas (Phéromones), Frédéric Marion-Poll (Alimentation)



Expérience d'électrophysiologie. @ S. Salamitou



Microscope confocal @ S. Salamitou

Plateaux techniques

Elevages

Le laboratoire EGCE met en œuvre des élevages d'insectes, d'amphibiens et de poissons. Les insectes sont des drosophiles, des abeilles (*Apis mellifera*), la mouche soldat (*Hermetia illucens*), le vers de farine (*Tenebrio molitor*), des papillons (*Sesamia nonagrioides*) et les petites guêpes qui les parasitent (*Cotesia sesamiae*). Les poissons sont des espèces d'eau douce, les astyanax, ainsi que les poissons zèbre. Les amphibiens sont des xénopes.

Ces élevages se font dans des enceintes climatisées pour en contrôler la température, ou des aquariums. Ils nécessitent la fabrication et parfois la mise au point de milieux nutritifs.

Séquençage

Deux séquenceurs ABI 3130 Genetic Analyzer sont en fonction à EGCE, l'un pour le séquençage, l'autre pour le génotypage (microsatellites).

Microscopie

Un microscope à fluorescence et un macroscopie sont installés à EGCE. Le plateau comporte également un microscope confocal utilisé notamment pour des expériences d'imagerie calcique sur des neurones.

4 postes d'électrophysiologie extracellulaire sont installés dans l'équipe PACS. Chaque poste est composé d'une table antivibratoire, d'une loupe binoculaire à fort grossissement (x300-400), de micromanipulateurs, d'un système d'éclairage à fibres optiques, de très petites électrodes et de dispositifs pour amplifier et traiter le signal. Ils permettent d'enregistrer l'activité électrique de neurones sensoriels.

Des microscopes équipés de sources de lumière cohérente, UV, ou visible sont disponibles pour des expériences de neurobiologie sur les cellules nerveuses ou des petites sensilles olfactives.

Tracking de drosophiles

Un dispositif, composé de caméras permettant de filmer le déplacement de drosophiles dans des arènes, est installé dans l'équipe EPCC. Il permet d'étudier leur comportement.



Dispositif de tracking @ S. salamitou



Dispositif d'électrophysiologie @ S. Salamitou



Séquenceur ABI @S. Salamitou

EVOLUTION
GENOMES
COMPORTEMENT
ÉCOLOGIE

EGCE



Responsables éditoriales
Catherine Montchamp-Moreau, Directrice
Dominique Joly, Directrice-adjointe
Myriam Harry, Directrice adjointe

Coordination
Sylvie Salamitou

Conception & Réalisation
Sylvie Salamitou

Illustrations
Page de couverture: Sébastien David
Images EGCE

Laboratoire Evolution, Génomes, Comportement et Ecologie
UMR9191
Avenue de la Terrasse, Bâtiment 13
91198 Gif-sur-Yvette

Tel: 01 69 82 37 41
Fax: 01 69 82 37 36

<http://www.egce.cnrs-gif.fr>