
Insertion d'ADN du bracovirus CcBV de la guêpe parasitoïde *Cotesia congregata*, dans l'ADN des hémocytes de l'hôte parasite *Manduca sexta*.

Germain Chevignon¹, Georges Periquet^{*1}, Gabor Gyapay², Nathalie Vega-Czarny², Karine Musset¹, Jean-Michel Drezen^{†1}, and Elisabeth Huguet^{‡1}

¹Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte – CNRS : UMR7261, Université François Rabelais - Tours – France

²Genoscope-Centre national de séquençage – CEA – France

Résumé

Les Bracovirus sont des virus symbiontes de guêpes parasitoïdes qui fonctionnent comme des véhicules de transfert d'ADN entre les guêpes et les insectes (hôtes) qu'elles parasitent. Ces bracovirus, associés à plus de 17 000 espèces de guêpes parasitoïdes, se développent au stade larvaire dans des chenilles de lépidoptères. Les particules virales sont injectées avec les œufs, lors de la ponte dans l'hôte. La guêpe les utilise pour transférer et exprimer dans l'hôte, une série de gènes de virulence, permettant ainsi la réussite du parasitisme. Le génome injecté comprend plusieurs dizaines de cercles d'ADN double brin qui sont produits par des cellules spécialisées des ovaires de la guêpe, à partir de séquences provirales présentes dans son génome. Dans le système *Cotesia congregata* (Braconide) – *Manduca sexta* (Lépidoptère), les particules du bracovirus CcBV injectées dans les chenilles de *M. sexta* ne s'y multiplient pas, mais l'ADN de certains cercles est inséré, sous forme linéarisé, dans le génome de l'hôte. Grâce à une approche par capture sonde-spécifique et un séquençage profond, nous avons pu montrer que les séquences de jonction entre ADN viral inséré et génome de *M. sexta* sont associées à un Motif viral spécifique d'Insertion dans l'Hôte (MIH). De plus, les positions de ces insertions dans le génome de *M. sexta* apparaissent aléatoirement distribuées. Les résultats des analyses des MIH sont présentés, ainsi que les comparaisons avec les autres espèces de bracovirus. Ces analyses phylogénétiques permettent de trancher entre l'hypothèse d'une origine commune du mécanisme d'insertion des cercles viraux dans le génome de l'hôte, ou d'une acquisition secondaire de ce mécanisme dans certains groupes uniquement.

*Intervenant

†Auteur correspondant: drezen@univ-tours.fr

‡Auteur correspondant: elisabeth.huguet@univ-tours.fr