
Flux de gènes entre hyménoptères et lépidoptères

Leila Gasmi¹, Hélène Boulain², Jérémy Gauthier², Aurélie Hua-Van³, Karine Musset²,
Elisabeth Huguet², Salvadore Herrero¹, and Jean-Michel Drezen^{*†2}

¹Département de Génétique, Université de Valence, Espagne – Espagne

²Institut de Recherche sur la Biologie de l’Insecte – CNRS : UMR7261, Université François Rabelais -
Tours – France

³Evolution Genome Comportement Ecologie – CNRS UMR 9191, Université Paris-Sud – France

Résumé

Les génomes de plusieurs lépidoptères comportent des séquences provenant de virus symbiotes de guêpes parasites (bracovirus). Les très fortes similarités nucléotidiques observées ne peuvent être expliquées que par des transferts horizontaux. Par ailleurs le sens du transfert (bracovirus vers lépidoptère) est indiqué sans ambiguïté pour certaines insertions par la présence de séquences typiques du bracovirus. Les transferts observés pourraient être expliqués par une intégration de cercles viraux dans la lignée germinale d’un lépidoptère qui aurait survécu au parasitisme, les particules virales ayant la capacité d’infecter une grande variété de tissus, donc potentiellement la lignée germinale. Certains gènes de bracovirus proviennent eux-mêmes du fond génétique ” hyménoptère ”, ce qui indique qu’il existe une voie d’échange de gènes entre deux ordres d’insectes. Nous avons également réalisé des études fonctionnelles qui suggèrent que certains gènes acquis par les lépidoptères (en particulier une lectine de type C) diminuent l’effet de pathogènes impactant les populations de chenilles dans les conditions naturelles (baculovirus). Ceci permettrait d’expliquer le maintien de ces séquences dans les génomes des lépidoptères, certains événements de transfert remontant à plusieurs millions d’années.

*Intervenant

†Auteur correspondant: drezen@univ-tours.fr