



**Mercredi 8 février 2023, 09:00**

Grande salle + visioconférence

## **SOUTENANCE DE THÈSE**

# **ÉVOLUTION ET DYNAMIQUE DU SYSTÈME DI-SYMBIOTIQUE CHEZ LES PUCERONS DU GENRE *CINARA***

par

**Jeff Rouil**

**Thèse, CBGP**

📌 Des systèmes pluri-symbiotiques ont été mis en évidence chez plusieurs espèces de pucerons (Hemiptera : Aphididae) et plus particulièrement chez les espèces du genre *Cinara*. La caractérisation taxonomique des symbiotes présents chez une soixantaine d'espèces de *Cinara* a permis de déterminer que *Serratia symbiotica* est la bactérie la plus fréquemment retrouvée comme symbiote secondaire obligatoire. De plus, la reconstruction de l'histoire évolutive des associations symbiotiques chez *Cinara* semble indiquer une acquisition ancestrale de *S. symbiotica* comme co-symbiote obligatoire, même si la présence d'autres bactéries chez certaines espèces indique que des événements de remplacement ont eu lieu. L'analyse des génomes de souches de *S. symbiotica* ont montré que ces symbiotes possèdent des caractéristiques génomiques différentes et des variations de leur forme et de leur localisation dans des bactériocytes. Ces données semblent montrer un gradient de modifications dans le passage d'une bactérie facultative à une bactérie endosymbiote fixée sur lequel se trouve l'ensemble des co-symbiotes obligatoires des *Cinara*.

📌 Au cours de cette thèse, à l'aide d'approches de phylogénomique, nous avons décrit l'histoire évolutive de *S. symbiotica* et mis en évidence de multiples acquisitions indépendantes de cette bactérie comme co-symbiote obligatoire des *Cinara*. Ces transitions d'un mode de vie facultatif à obligatoire sont associées à des réductions de génome et de taux de G-C plus ou moins importantes selon les lignées, révélant l'ancienneté relative de l'association. Parmi les événements d'acquisitions, nous avons montré que l'un d'entre eux avait conduit à une co-spéciation durant environ 20Ma des trois partenaires de la symbiose nutritionnelle (*Cinara*, *Buchnera* et *Serratia*). Dans ce clade, nous avons observé des structures cellulaires et des caractéristiques génomiques stables pour les deux co-symbiotes. De plus, l'analyse des taux de substitutions de chacun des partenaires a permis de décrire pour la première fois une évolution parallèle entre les deux symbiotes et leur hôte. L'analyse détaillée de la composition en gènes des bactéries co-symbiotiques de ce clade a mis en évidence une complémentation forte pour la production des nutriments nécessaires à l'hôte. De plus, l'analyse de l'ensemble de leurs gènes a révélé qu'une forte sélection purifiante s'exerce sur eux.

📌 Dans une autre partie, une approche expérimentale de quantification des symbiotes au cours de développement sur trois espèces de *Cinara* suggère une différence de capacité de régulation du co-symbiote *Serratia*. Cette différence est observée entre deux espèces de *Cinara* pour lesquelles les *Serratia* sont issues d'acquisition indépendantes et dans lesquelles sa localisation est différente. Finalement, une analyse de comparaison génomique sur des phages APSE (bactériophage intégré) présents dans les co-symbiotes de *Cinara* et procurant une défense contre les parasitoïdes a permis de décrire la diversité des APSE et de l'évolution de leur génome chez les pucerons. Cette analyse a aussi montré que les éléments mobiles pourraient jouer un rôle dans l'acquisition de nouveaux gènes dans la cassette de la toxine défensive.

📌 L'ensemble de ces travaux révèle un système pluri-symbiotique dynamique dans lequel le nouveau partenaire bactérien est régulièrement remplacé au cours de l'évolution.