

Etude du rôle du microbiote à partir de données métagénomiques shotgun

Julie Reveillaud

Chargée de Recherche INRA

Unité mixte de recherche

UMR

ASTRE



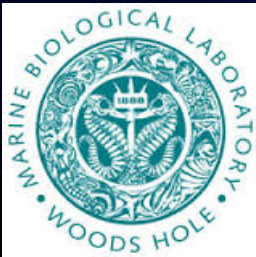
Animal, Santé, Territoires, Risques et Ecosystèmes
AnimalS, health, Territories, Risks and Ecosystems

Deux projets de recherche

- Métagénomique des symbiotes en milieu hydrothermal dans la fosse des Caïmans
- Projet de recherche INRA:
'Le rôle du microbiome de *Culex pipiens*, vecteur principal du virus du Nil Occidental; reconstruction des génomes symbiotiques à partir de données métagénomique shotgun'

Métagénomique des endosymbiontes des espèces vestimentifères de la fosse des Caïmans

Julie Reveillaud, Colleen Cavanaugh, Cindy van Dover
& Julie Huber



HARVARD UNIVERSITY



Diversité et rôle du microbiome des vecteurs dans la transmission des agents pathogènes

Le microbiome des vecteurs

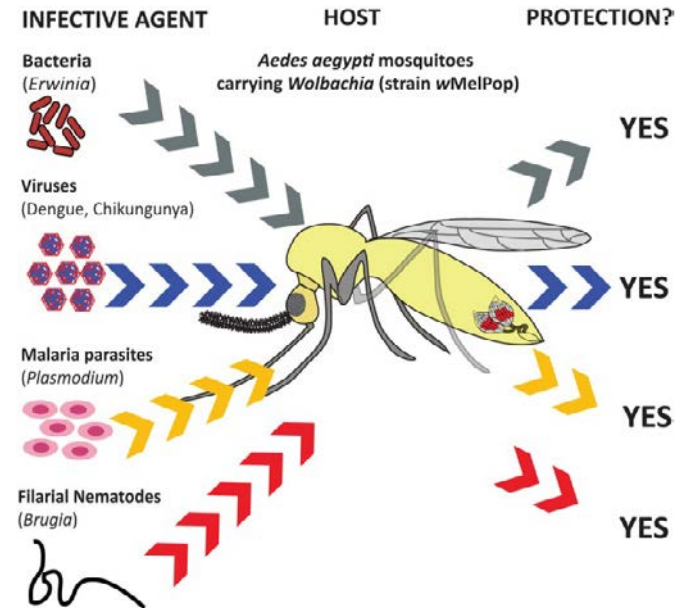
Rôle clé sur l'installation des agents pathogènes dans le vecteur et sur leur transmission (*plusieurs modèles*)

OPEN ACCESS Freely available online

PLOS PATHOGENS

Midgut Microbiota of the Malaria Mosquito Vector *Anopheles gambiae* and Interactions with *Plasmodium falciparum* Infection

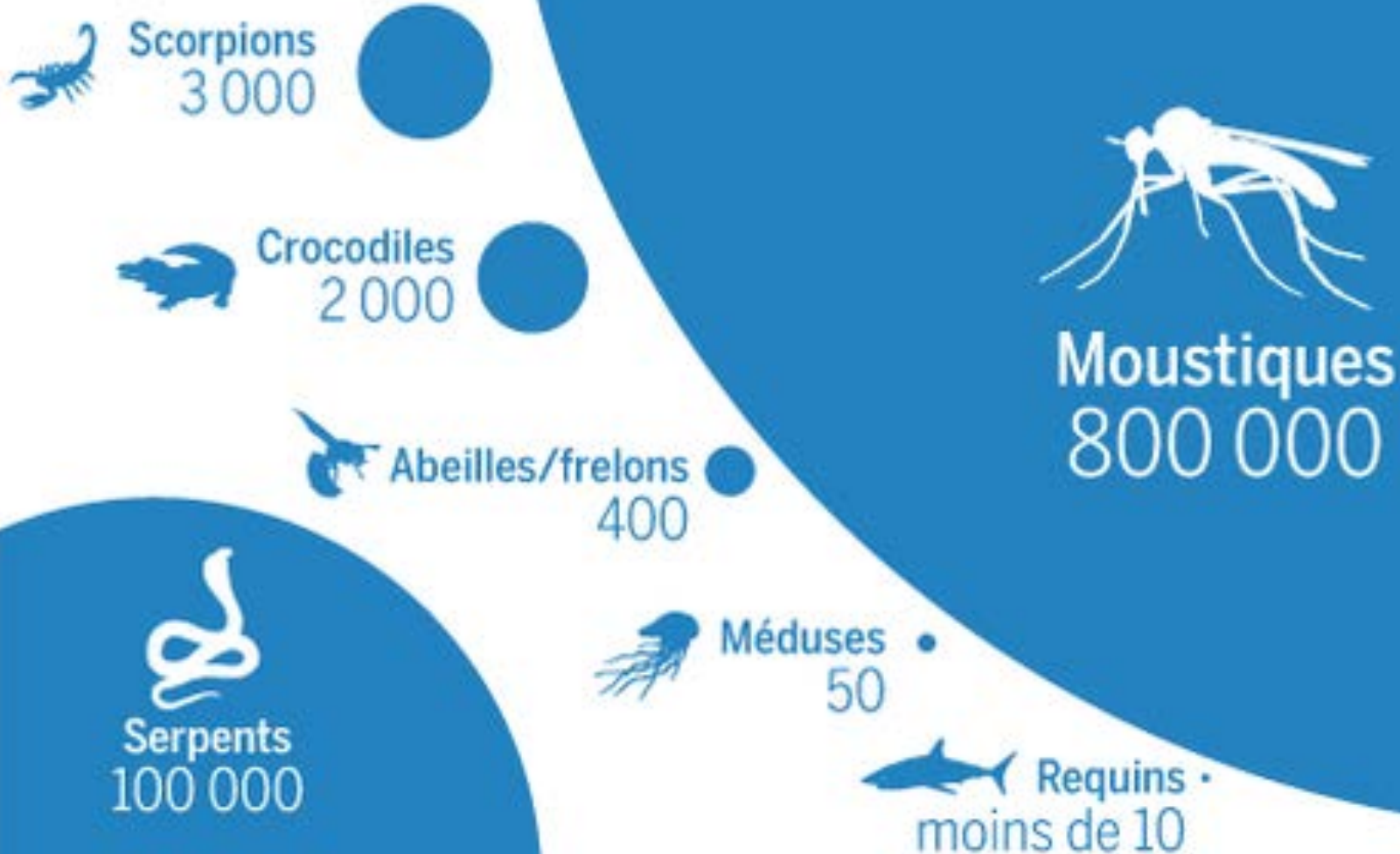
Anne Boissière¹, Majoline T. Tchioffo^{1,2}, Dipankar Bachar³, Luc Abate¹, Alexandra Marie¹, Sandrine E. Nsango^{1,2,4}, Hamid R. Shahbazkia^{3,5}, Parfait H. Awono-Ambene², Elena A. Levashina⁴, Richard Christen³, Isabelle Morlais^{1,2*}



Influence of *Wolbachia* on inhibition/reduction in transmission capacity as well as protection of mosquitoes against infection (Eleftherianos et al. 2013)

Le moustique tue 80 000 fois plus que le requin

NOMBRE DE DÉCÈS HUMAINS PAR AN



Culex spp



- Nombreuses études sur les vecteurs de la malaria ou de la dengue **mais connaissances limitées sur le rôle du microbiome de *Culex***
- Responsable de la transmission des virus West Nile (WNV) et de la fièvre de la Vallée du Rift
- Epizooties d'encéphalites équinees *-parfois associées à des cas d'encéphalite humaines-* dues au WNV régulièrement reportées en France (Camargue)

Culex spp / WNV

18 SEPTEMBRE 2015 SANTÉ

Virus - « West Nile » : le retour

Ce virus circule au sein de la population des oiseaux migrateurs. Venant de la région de *West Nile*, en Ouganda, ce « pathogène » (en français : « virus du Nil occidental ») est transmis par des moustiques du genre *Culex*, en particulier *Culex pipiens* et *Culex modestus*, en zones humides littorales (là, le « moustique tigre » n'y est pour rien !). Pour la première fois depuis 2006, dix-huit cas équinés ont été recensés, depuis le 1er septembre, entre Camargue et Gardiole, à cheval (si on peut dire) sur trois départements (13, 30, 34).



Culex spp / WNV

Muturi et al. *Parasites & Vectors* (2016) 9:18
DOI 10.1186/s13071-016-1299-6

Parasites & Vectors

RESEARCH

Open Access

Culex pipiens and *Culex restuans* mosquitoes harbor distinct microbiota dominated by few bacterial taxa



Ephantus J. Muturi^{1*}, Chang-Hyun Kim¹, Jeffrey Bara², Elizabeth M. Bach¹ and Madhura H. Siddappaji

Mosquito Microbiome Dynamics, a Background for Prevalence and Seasonality of West Nile Virus

Eva Novakova^{1,2†}, Douglas C. Woodhams^{3*†}, Sonia M. Rodriguez-Ruano¹, Robert M. Brucker⁴, Jonathan W. Leff^{5,6}, Amin Maharaj⁷, Amnon Amir⁸, Rob Knight^{8,9} and James Scott^{7,10}

¹ Faculty of Science, University of South Bohemia, Ceske Budejovice, Czechia, ² Biology Centre of ASCR, Institute of Parasitology, Ceske Budejovice, Czechia, ³ Department of Biology, University of Massachusetts Boston, Boston, MA, USA, ⁴ Rowland Institute, Harvard University, Cambridge, MA, USA, ⁵ Cooperative Institute for Research in Environmental Sciences, University of Colorado, Boulder, CO, USA, ⁶ Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Colorado, Boulder, CO, USA, ⁷ Sporometrics Inc, Toronto, ON, Canada, ⁸ Department of Computer Science and Engineering, Center for Microbiome Innovation, University of California San Diego, La Jolla, CA, USA, ⁹ Department of Pediatrics, University of California San Diego, La Jolla, CA, USA, ¹⁰ Division of Occupational and Environmental Health, Dalla Lana School of Public Health, University of Toronto, Toronto, ON, Canada



Article

Exposure to West Nile Virus Increases Bacterial Diversity and Immune Gene Expression in *Culex pipiens*

Steven D. Zink¹, Greta A. Van Slyke¹, Michael J. Palumbo², Laura D. Kramer¹ and Alexander T. Ciota^{1,*}

Received: 24 June 2015 ; Accepted: 15 October 2015 ; Published: 27 October 2015

Academic Editors: Robert B. Tesh, Bethany Bolling, Scott C. Weaver and Nikolaos Vasilakis

¹ Griffin Laboratory, Wadsworth Center, New York State Department of Health, Slingerlands, NY 12159, USA; steven.zink@health.ny.gov (S.D.Z.); greta.vanslyke@health.ny.gov (G.A.V.S.); laura.kramer@health.ny.gov (L.D.K.)

² Wadsworth Center Bioinformatics Core, Wadsworth Center, New York State Department of Health, Albany, NY 12222, USA; michael.palumbo@health.ny.gov

* Correspondence: alexander.ciota@health.ny.gov; Tel.: +1-518-485-6616; Fax: +1-518-485-6999

Abstract: Complex interactions between microbial residents of mosquitoes and arboviruses are likely to influence many aspects of vectorial capacity and could potentially have profound effects on patterns of arbovirus transmission. Such interactions have not been well studied for *West Nile virus* (WNV; *Flaviviridae*, *Flavivirus*) and *Culex* spp. mosquitoes. We utilized next-generation sequencing of 16S ribosomal RNA bacterial genes derived from *Culex pipiens* Linnaeus following WNV exposure and/or infection and compared bacterial populations and broad immune responses to unexposed mosquitoes. Our results demonstrate that WNV infection increases the diversity of bacterial populations and is associated with up-regulation of classical invertebrate immune pathways including RNA interference (RNAi), Toll, and Jak-STAT (Janus kinase-Signal Transducer and Activator of Transcription). In addition, WNV exposure alone, without the establishment of infection, results in similar alterations to microbial and immune signatures, although to a lesser extent. Multiple bacterial genera were found in greater abundance in WNV-exposed and/or infected mosquitoes, yet the most consistent and notable was the genus *Serratia*.

Diversité taxonomique et fonctionnelle du microbiome de *Culex*

- Collecte et dissection des organes 'tube digestif, ovaires, glandes salivaires'



Diversité taxonomique et fonctionnelle du microbiome de *Culex*

- Collecte et dissection des organes 'tube digestif, ovaires, glandes salivaires'
- Extraction / amplification ADN 'Low Biomass'

Diversité taxonomique et fonctionnelle du microbiome de *Culex*

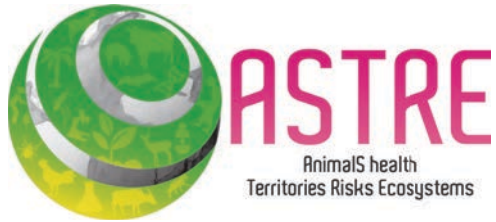
- Collecte et dissection des organes 'tube digestif, ovaires, glandes salivaires'
- Extraction / amplification ADN 'Low Biomass'
- Puis reconstruction des génomes des bactéries dominantes
 - Etudier le potentiel fonctionnel des bactéries associées
 - Obtenir des génomes de référence pour l'étude de transcrits lors d'une infection expérimentale

La réponse du microbiome à une infection WNV (milieu contrôlé) de *Culex*

- Disséquer les mécanismes d'interaction hôte-pathogène-microbiome
- Gènes et génomes symbiotiques sur/ sous-exprimés ?
- Identification des symbiontes et manipulation potentielle du microbiome à des fins de lutte vectorielle biologique



Merci



Katherine Hammar, Louis Kerr, Sintra Reves-Sohn,
Rika Anderson, Caroline Fortunato, A. Murat
Eren, captains and crew of R/V *Atlantis* and
ROV *Jason*

