

La spécialisation à la plante-hôte chez le puceron *Aphis gossypii* : comment ça marche?



Flavie VANLERBERGHE

Centre de Biologie pour la Gestion des Populations (CBGP)

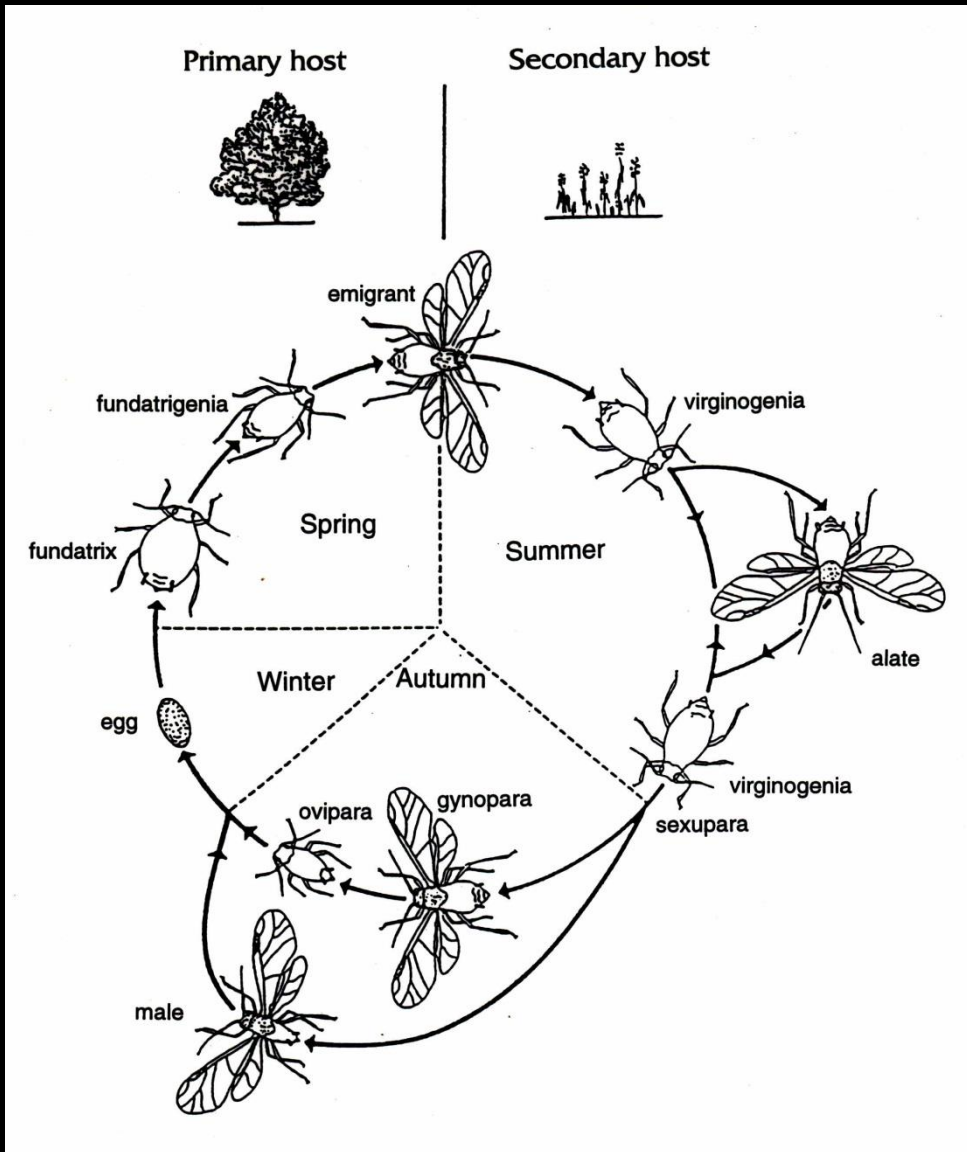


Aphis gossypii, le puceron du melon ou du coton



- distribution mondiale
- polyphage (>900 espèces de plantes de familles botaniques diverses)
- ravageurs des cultures maraîchères, fruitières, horticoles
- passage d'un statut de ravageur II^R à I^R en <20ans
- reproduction majoritairement asexuée





cycle annuel avec 2 phases

-une génération sexuée

- plusieurs générations asexuées

certaines espèces :

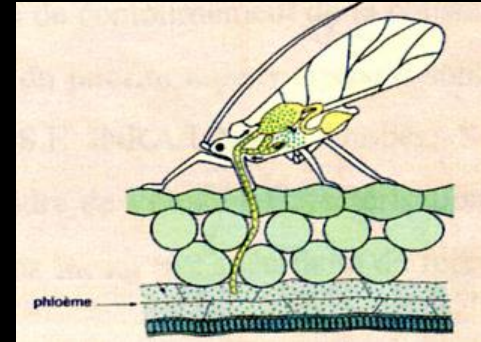
phase asexuée uniquement



Parthénogénèse apomictique



Stratégie d'exploitation de la ressource plante par les pucerons *A. gossypii* ?



Stratégie généraliste : les clones sont capables d'infester de nombreuses plantes hôtes différentes (plasticité)

la diversité génétique des populations est structurée par la géographie

Stratégie spécialiste : la plante exerce une pression de sélection sur les différents clones => adaptation => spécialisation

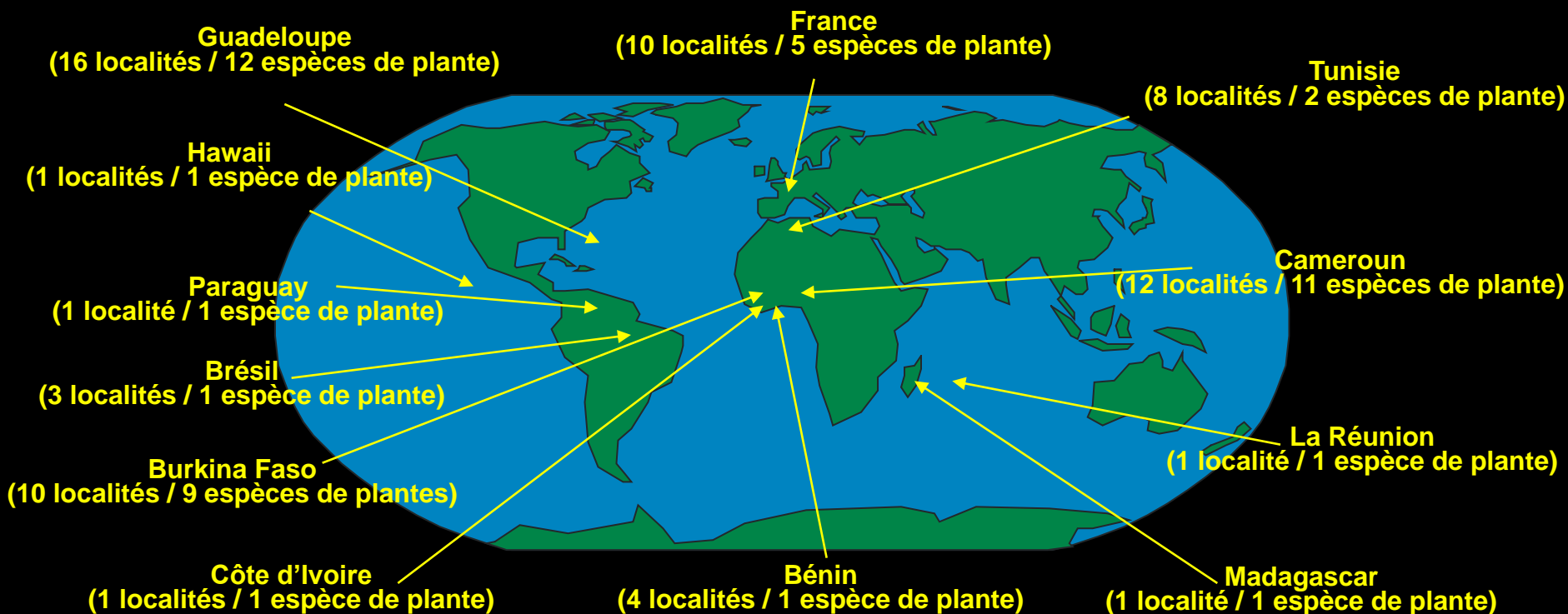
la diversité génétique des populations est structurée par la plante hôte



Stratégie d'échantillonnage

Différentes plantes dans une même localité

Les mêmes plantes dans des régions différentes



- Cucurbitacées (melon, courge, concombre, courgette, pastèque, giraumon)
- Solanacées (piment, poivron, aubergine)
- Malvacées (coton, gombo, hibiscus)



Structure génétique des populations d'*Aphis gossypii*

3600 individus génotypés à 8 loci microsatellites => 44 GML seulement

80% des échantillons sont monomorphes

Les 20% polymorphes présentent un GML en forte fréquence

Les échantillons sur *Hibiscus syriacus* sont plus polymorphes

4 GML représentent 70% des individus et sont respectivement associés à certaines plantes hôtes

Pot1



Aub1



C9



Burk1



Charaabi *et al.*- *Bull. Entomol.Res* 2008

Brévault *et al.*- *Agr. For. Entomol.* 2008

Carletto *et al.*- *Mol. Ecol* 2009



Analyse de génétique des populations d'*Aphis gossypii*

Structuration de la diversité par la géographie ou par la plante ?

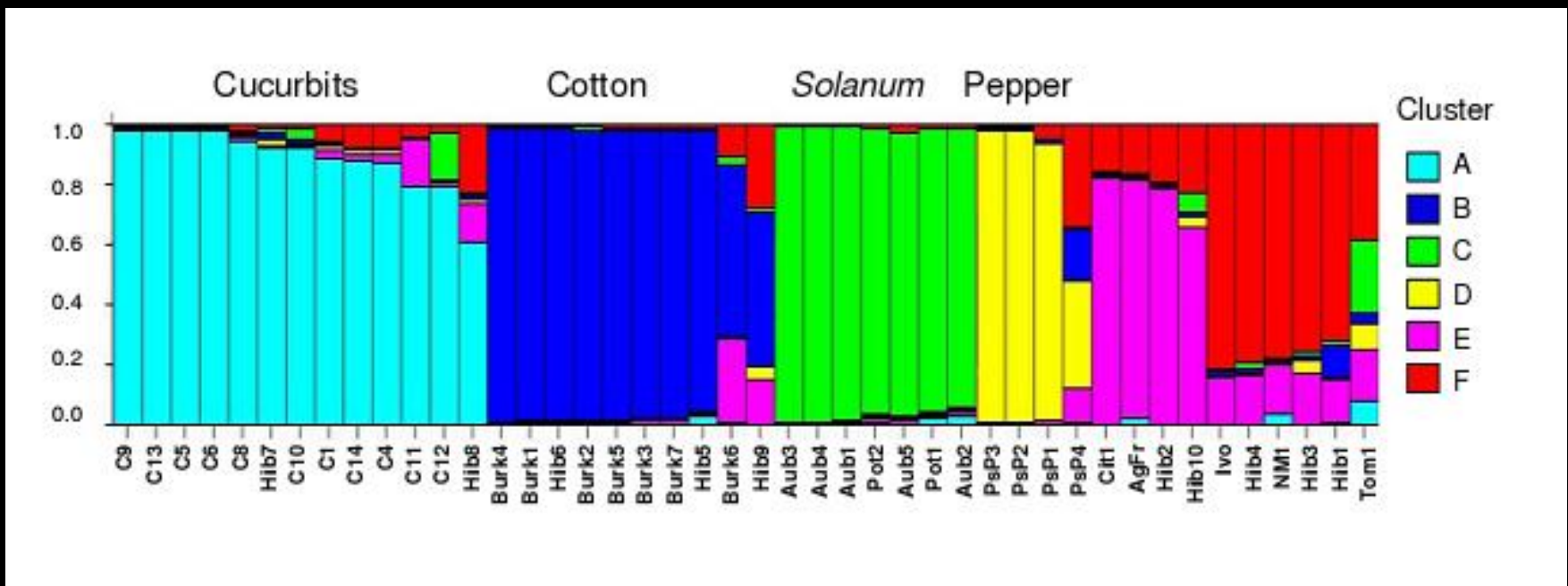
Résultats d'une AMOVA sur 182 échantillons

Source of variation		d.f.	S.S	Variance components	Percentage of variation	P
Host plant	Among groups	11	8213.94	1.33	47.24	<10 ⁻⁵
	Among populations	170	1948.92	0.27	9.56	<10 ⁻⁵
	Within populations	7048	8566.77	1.22	43.19	<10 ⁻⁵
Host plant without <i>Hibiscus</i>	Among groups	8	7616.48	1.58	54.15	<10 ⁻⁵
	Among populations	147	1330.96	0.21	7.24	<10 ⁻⁵
	Within populations	5938	6690.51	1.13	38.62	<10 ⁻⁵
Geographic region	Among groups	9	2837.65	0.45	16.42	<10 ⁻⁵
	Among populations	172	7325.21	1.06	38.88	<10 ⁻⁵
	Within populations	7048	8566.77	1.22	44.70	<10 ⁻⁵
Year of collection	Among groups	8	2149.87	0.28	10.50	<10 ⁻⁵
	Among populations	173	8012.99	1.17	43.98	<10 ⁻⁵
	Within populations	7048	8566.77	1.22	45.52	<10 ⁻⁵



Analyse de génétique des populations d'*Aphis gossypii*

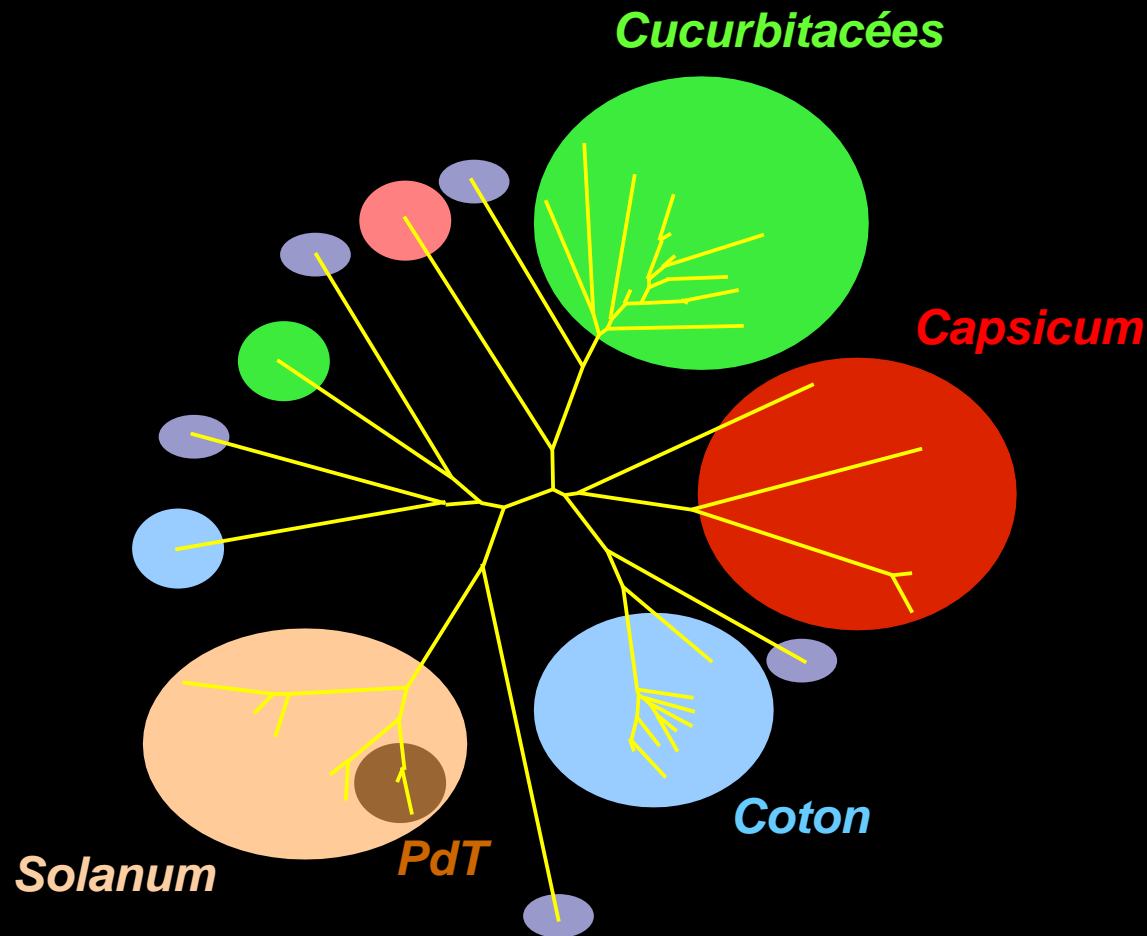
Résultats d'une analyse de clustering par STRUCTURE sur 44 GML
Maximum de vraisemblance pour $k = 6$



Carletto et al. - Mol. Ecol 2009



Diversité génétique structurée par la plante hôte

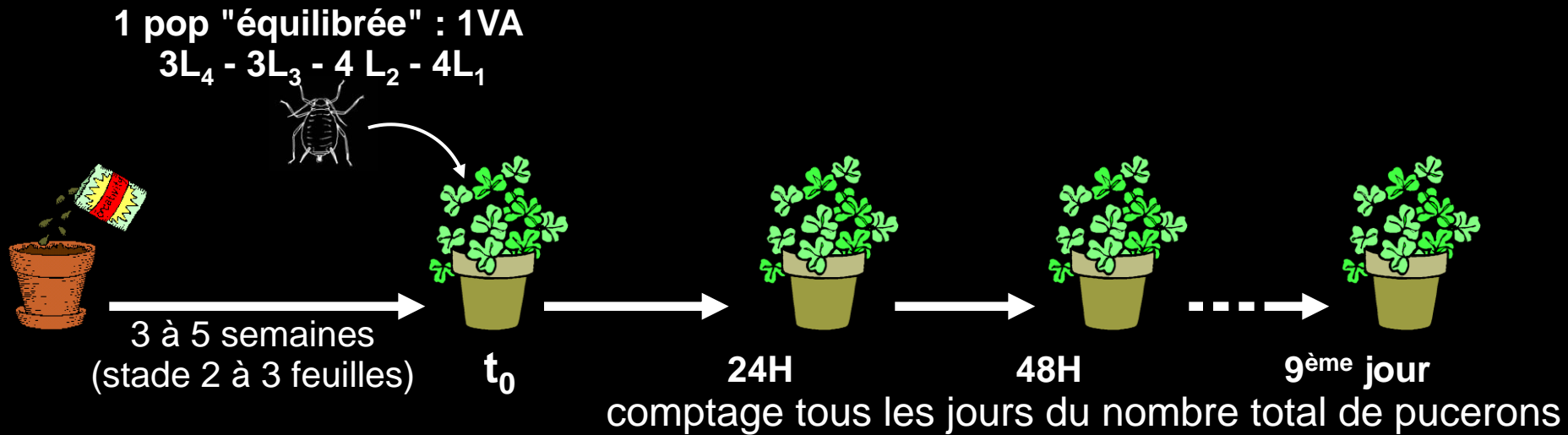


Races d'hôte \Leftrightarrow spécialisation écologique

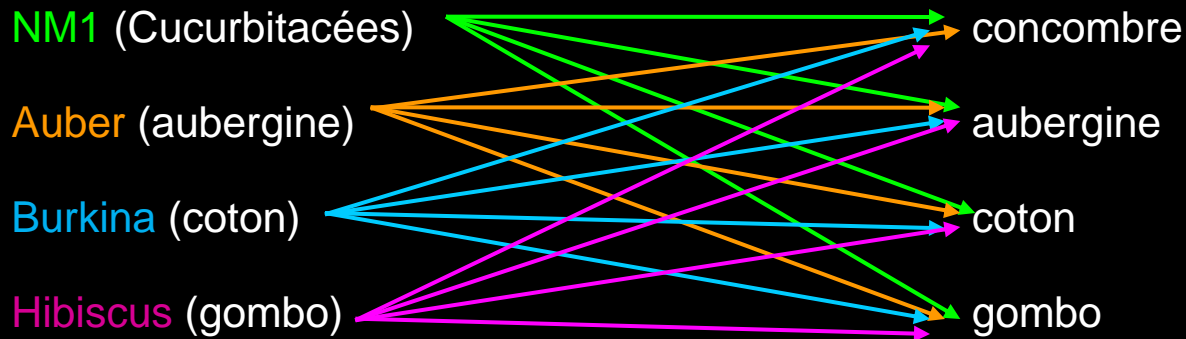


Spécialisation et trade off

performance : transfert de plantes hôtes

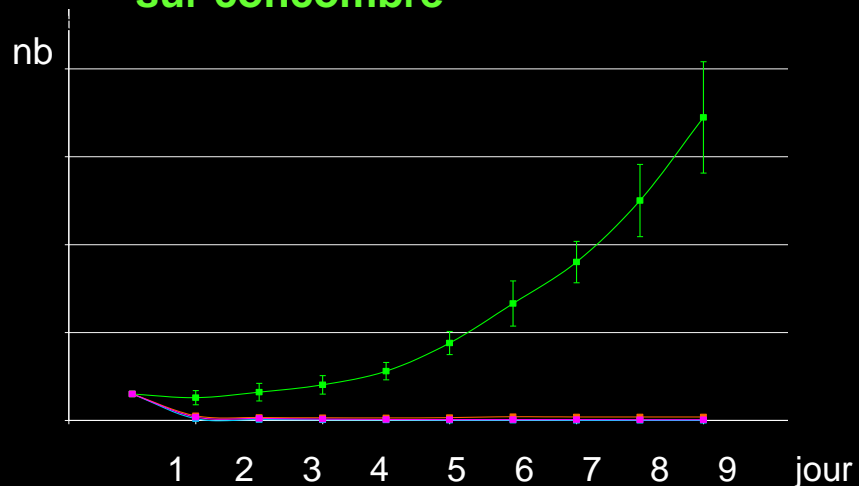


16 combinaisons différentes, 14 répétitions

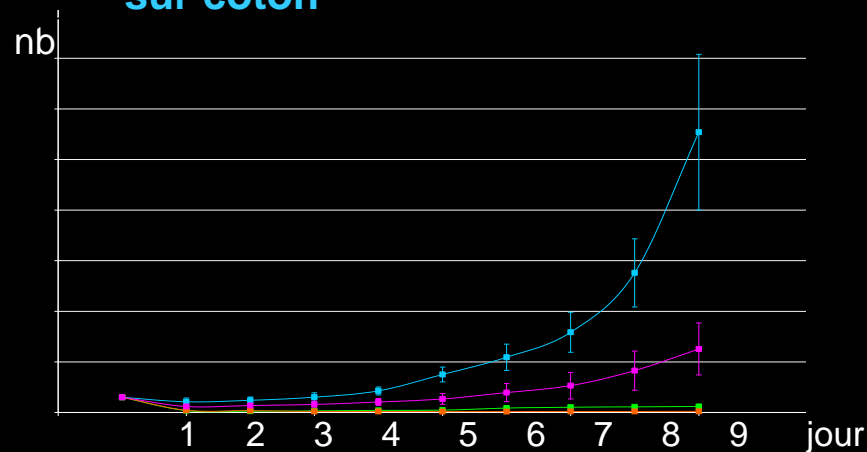


Résultats des transferts d'hôtes / performance

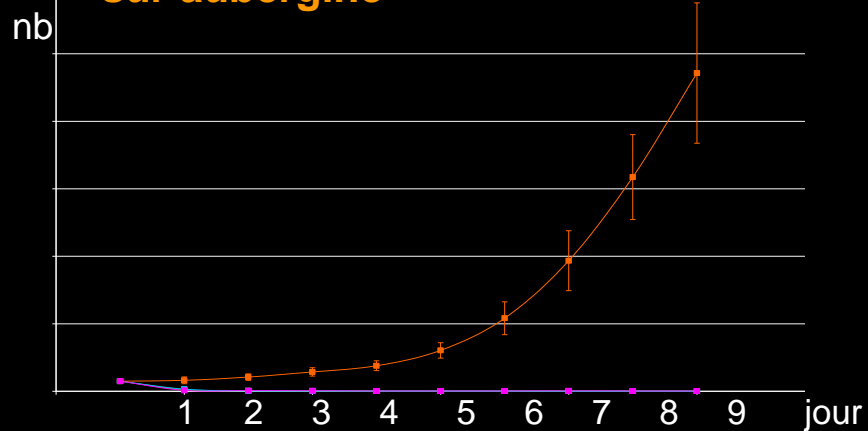
sur concombre



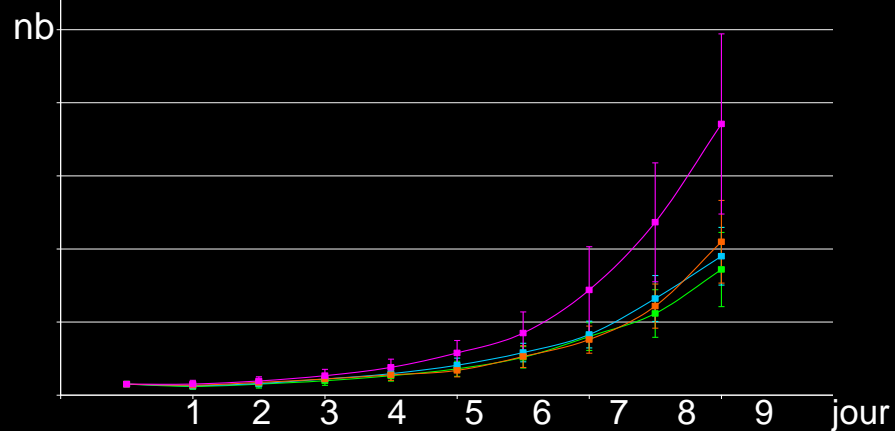
sur coton



sur aubergine



sur gombo



NM1 (Cucurbitacées) / Auber (aubergine) / Burkina (coton) / Hibiscus (gombo)



Les races d'hôtes \Leftrightarrow espèce *Aphis gossypii* ?

Aphis gossypii fait partie d'un complexe d'espèces (complexe *frangulae*)

Aphis gossypii



reproduction asexuée

Aphis frangulae



reproduction sexuée

distinction morphologique ?

longueur du processus terminalis / base de l'article antennaire VI

Aphis gossypii = 3.0 vs. *Aphis frangulae* = 2.9

Recherche de marqueurs moléculaires spécifiques



Echantillonnage d'*Aphis gossypii* et d'*Aphis frangulae*

- pucerons *Aphis frangulae* hôte I^R (bourdaine) et hôte II^R (épilobe)



hôte I^R (bourdaine)



hôte II^R (épilobe)

- pucerons *Aphis gossypii* sur plantes cultivées (où *Aphis frangulae* pas décrit)



melon



coton



concombre



fraise

- pucerons prélevés sur Solanacées (*Aphis frangulae* ou *Aphis gossypii* ?)



pomme de terre



aubergine



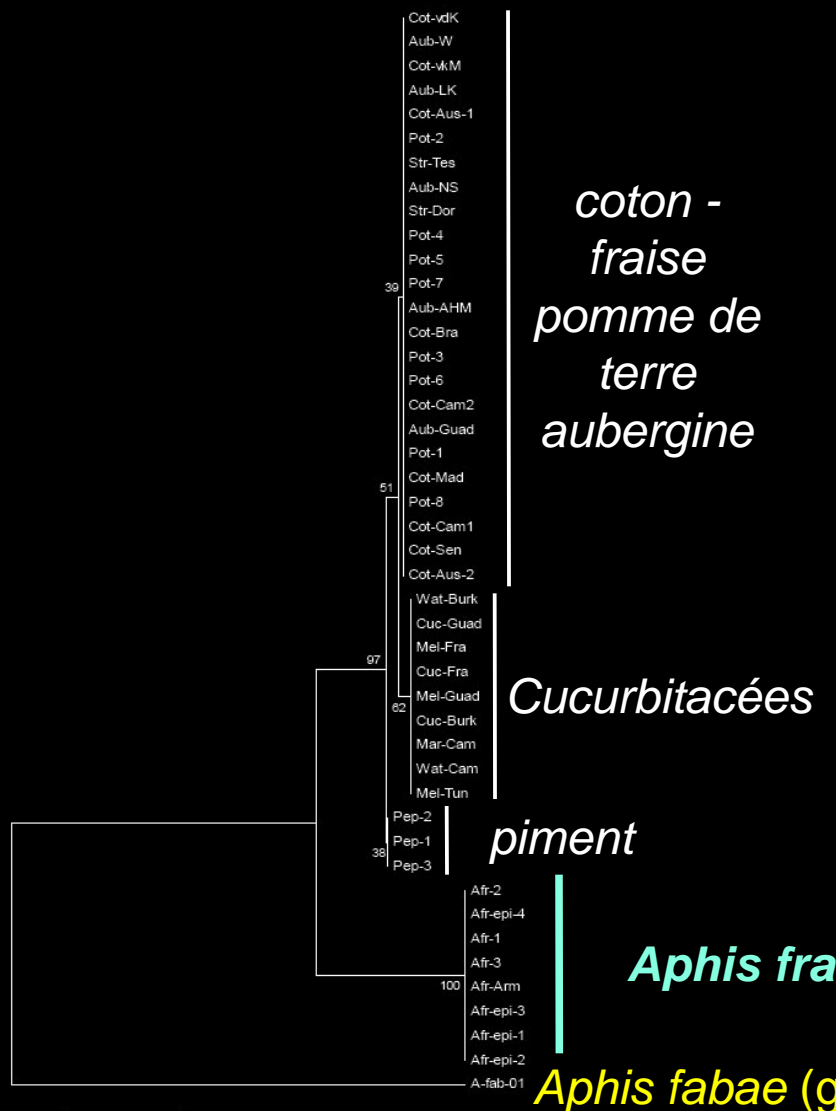
piment



Discrimination *Aphis gossypii* / *Aphis frangulae*

cytochrome b (≈ 700 pb)

Carletto, Blin & Vanlerberghe-Masutti 2009
Systematic Entomology)



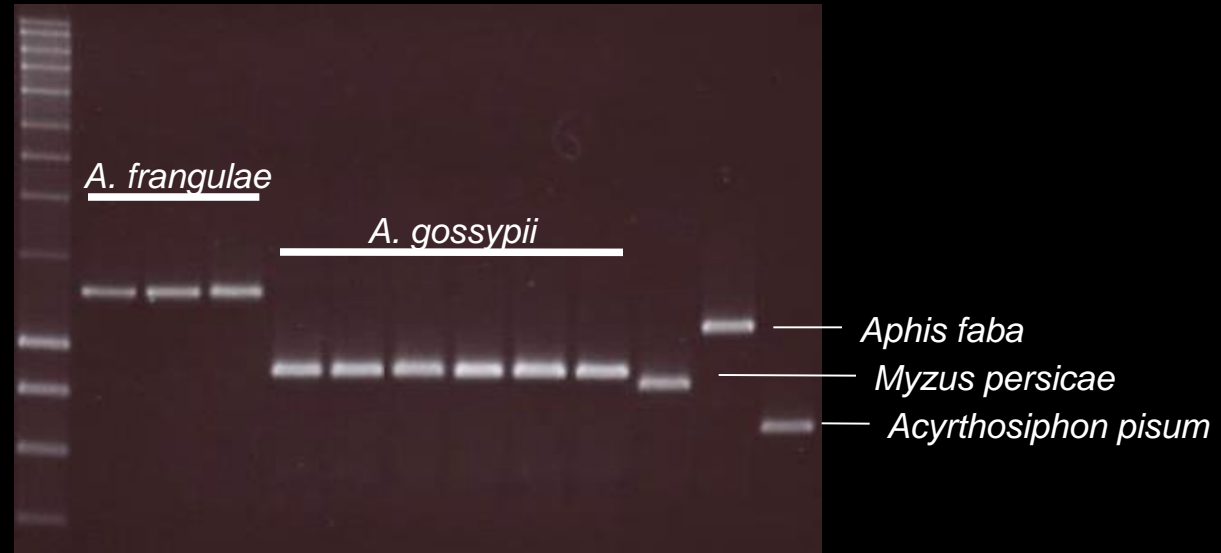
Aphis gossypii
(Cucurbitacées, Malvacées, Solanacées)

divergence nucléotidique
 $\approx 2\%$ entre les deux espèces



Discrimination *Aphis gossypii* / *Aphis frangulae*

polymorphisme de longueur intron du gène *para*
différence de ≈ 400 pb entre les 2 espèces



Carletto, Blin & Vanlerberghe-Masutti 2009 Systematic Entomology)

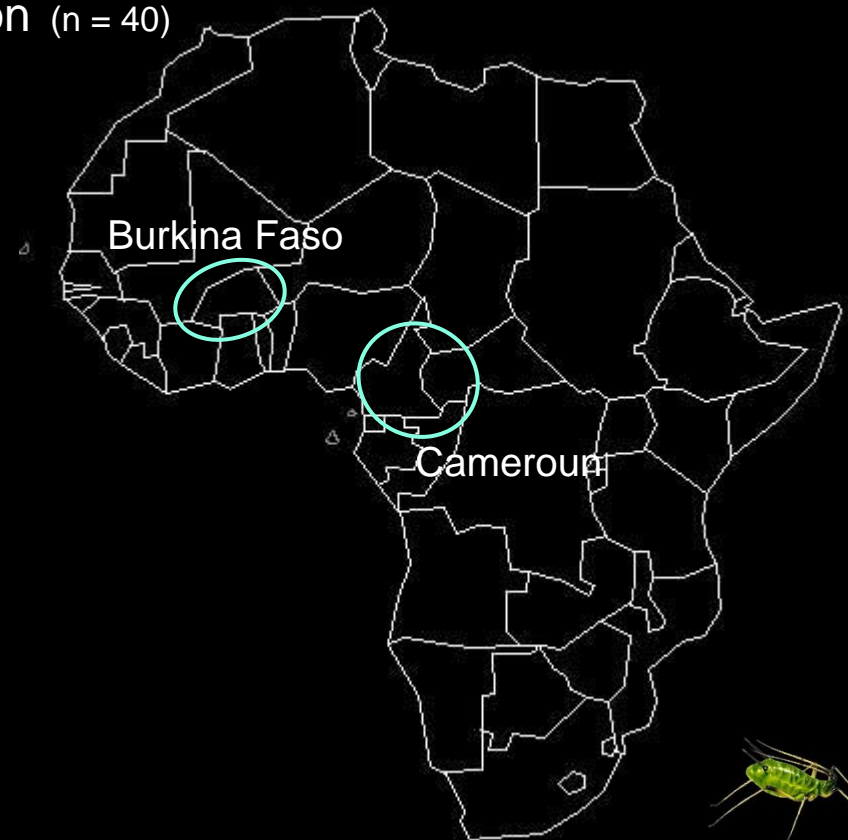
Les races d'hôtes \Leftrightarrow espèce *Aphis gossypii*



Implication des bactéries endosymbiotiques secondaires dans la spécialisation d'*A. gossypii* ?

différentes races d'hôtes *et* même race d'hôte – localités différentes

- Cucurbitacées : melon, concombre et pastèque (n = 40)
- Solanacées : aubergine (n = 50), piment et poivron (n = 40)
- Malvacées : coton (n = 40)



- Cucurbitacées : melon, concombre (n = 30)
- Solanacées : aubergine (n = 20)

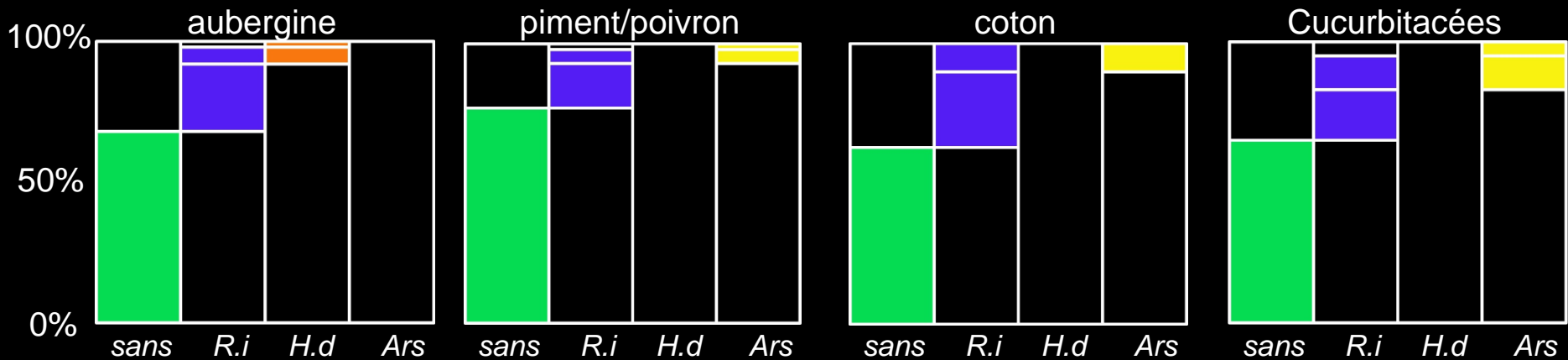


Distribution des endosymbiontes secondaires

en France 100% des pucerons récoltés = aucun endosymbiote secondaire

en Afrique 67% des pucerons récoltés = aucun endosymbiote secondaire

33% = *Regiella insecticola* - *Hamiltonella defensa* - *Arsenophonus*-type



Regiella insecticola = retrouvée au sein des 4 races d'hôtes

race d'hôte aubergine : absence d'*Arsenophonus*-type
et présence *Hamiltonella defensa* (4/50 individus)

endosymbiotes II^R = pas impliqués dans la spécialisation



1er bilan sur la spécialisation chez *Aphis gossypii*

Existence de races d'hôtes sur des plantes cultivées

- Chaque race est dominée par un clone majoritaire à distribution géographique mondiale.
- La faible diversité clonale s'explique par l'intensité des pressions de sélection anthropiques dans les agrosystèmes et par la compétition entre clones pour l'exploitation de la ressource (Carletto et al. 2010 Pest. Manag. Sci ; Brévault et al. 2011 Bull. Entom. Res.)

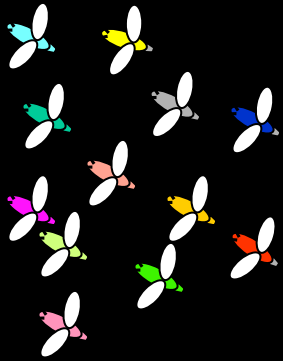
Spécialisation sur la plante hôte ⇔ adaptation physiologique

? ⇔ adaptation comportementale : sélection de l'habitat

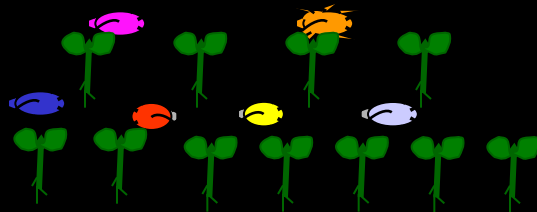


Sélection de l'habitat par les clones spécialisés : une approche de Génétique des Populations

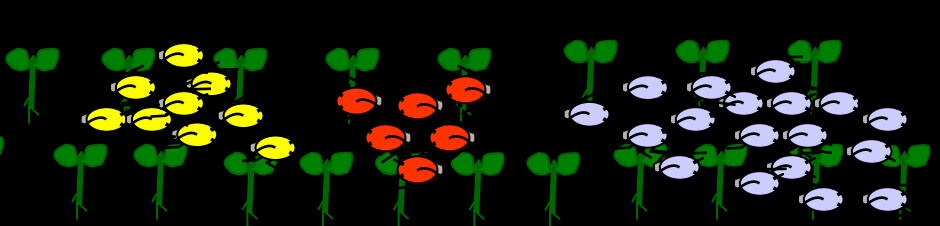
Ailés de
printemps



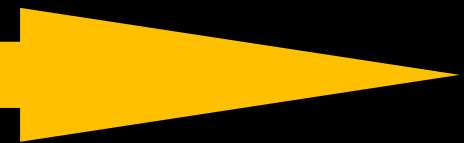
1^{ère} génération
d'aptères



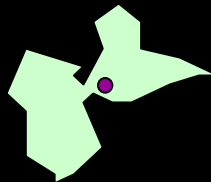
Colonies de clones spécialisés



Cycle de culture



Diversité génétique des ailés / aptères dans 4 bassins de production de melons



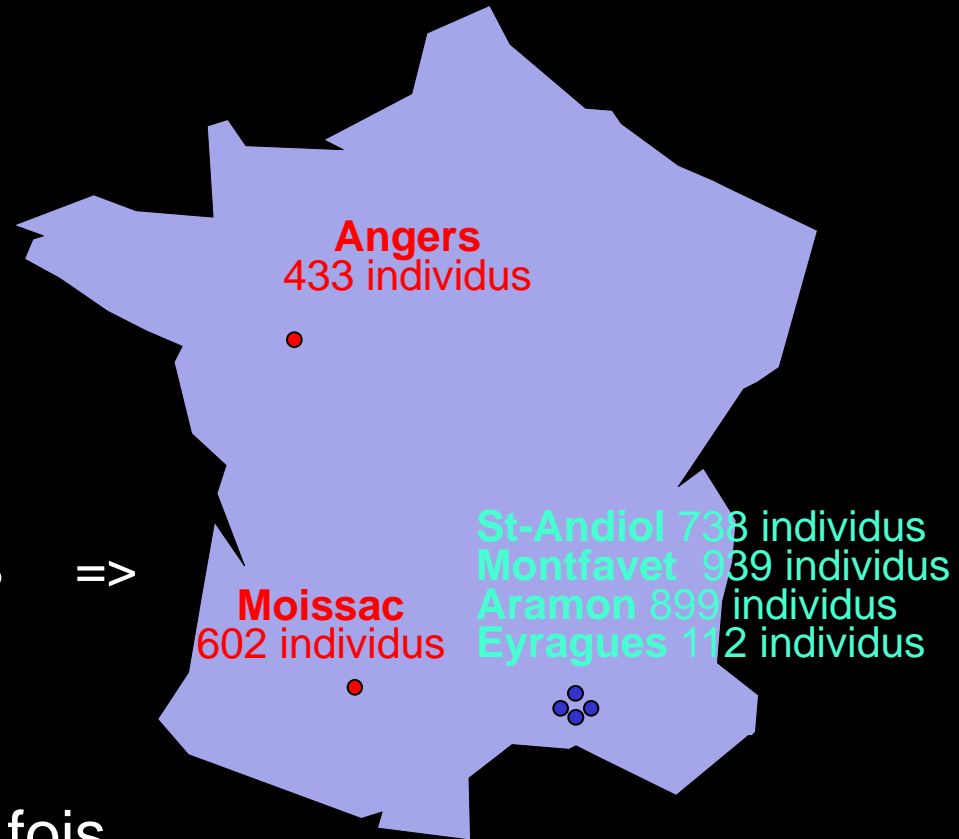
Guadeloupe
1069 individus

4792 individus échantillonnés =>

596 MLG

dont 505 observés une seule fois

=> Diversité génétique révélée beaucoup plus grande que celle décrite jusqu'à présent



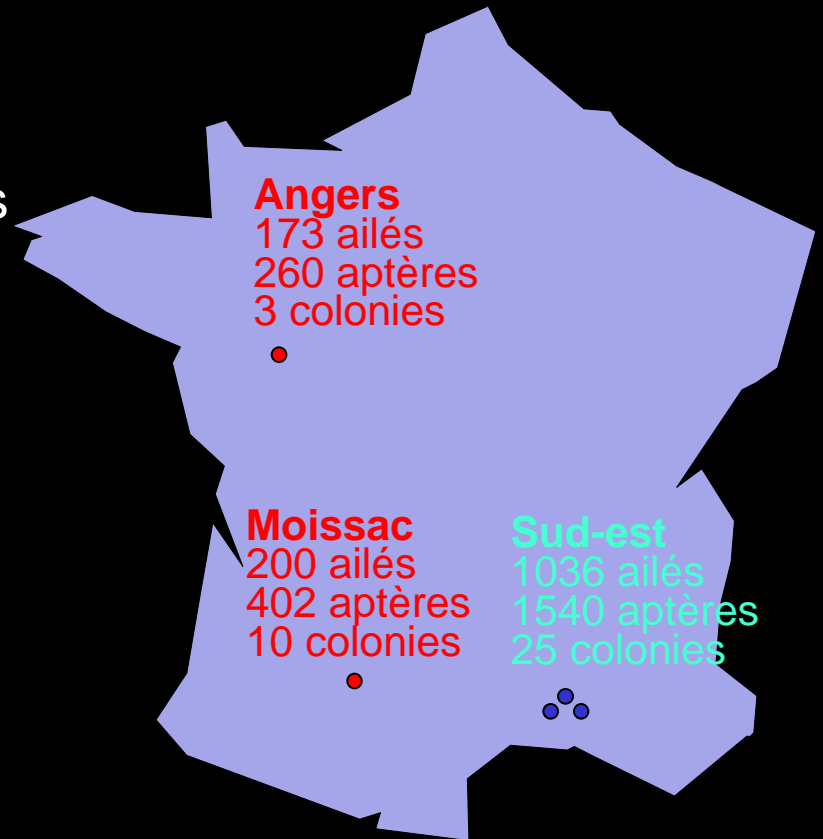
Variabilité génétique entre pop ailées et aptères

1868 ailés et 2924 aptères échantillonnés sur melon sensibles dont 128 dans les colonies

=> **413 MLG** ailés dont 315 uniques et

=> **280 MLG** aptères dont 190 uniques

=> **10 MLG** issus de colonies



Facteurs de structuration génétique des populations

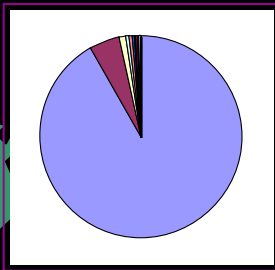
Source de variation % variance

Ailé/Aptère -0.90

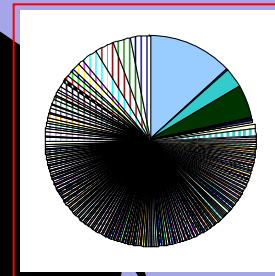
Année 1.24

Bassin 20.05***

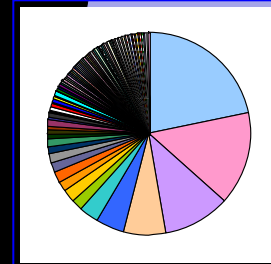
R=0.02



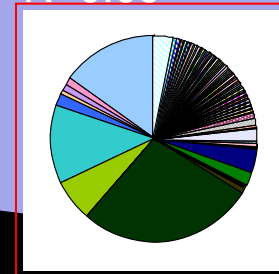
R=0.59



R=0.19



R=0.09



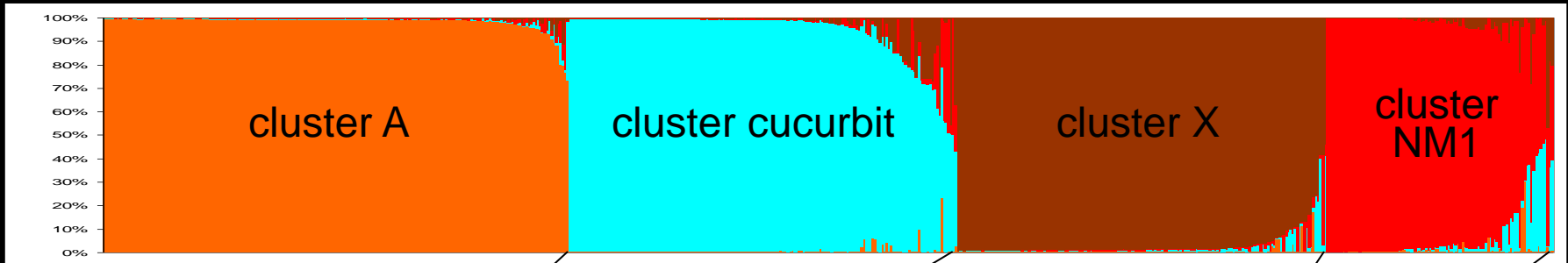
La diversité est très grande dans l'ouest et très faible en Guadeloupe

La diversité observée en Guadeloupe est unique



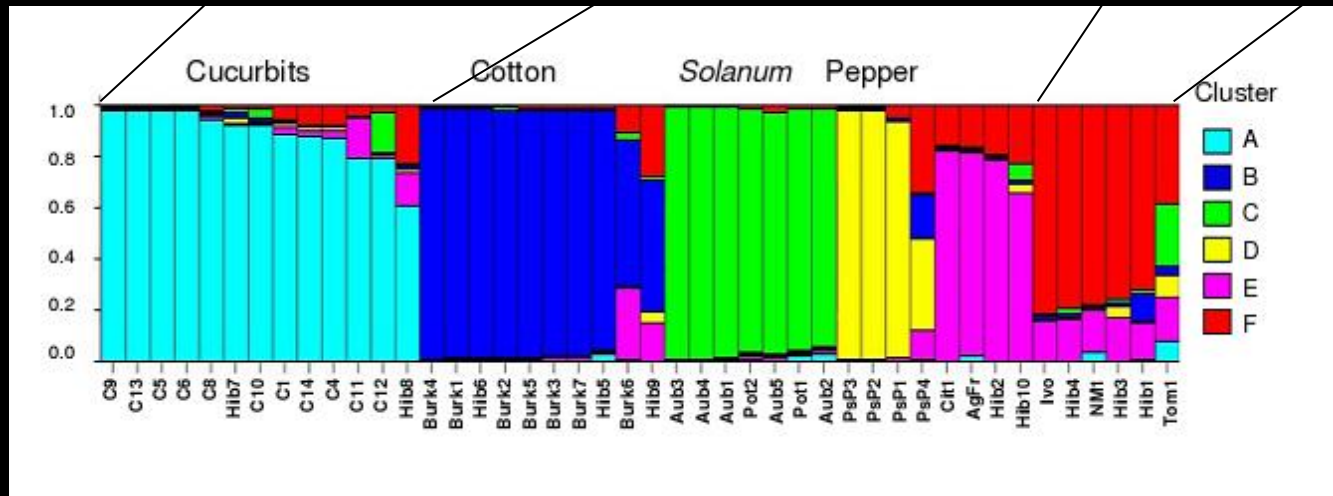
Assignment des 596 MLG à des clusters génétiques

K=4

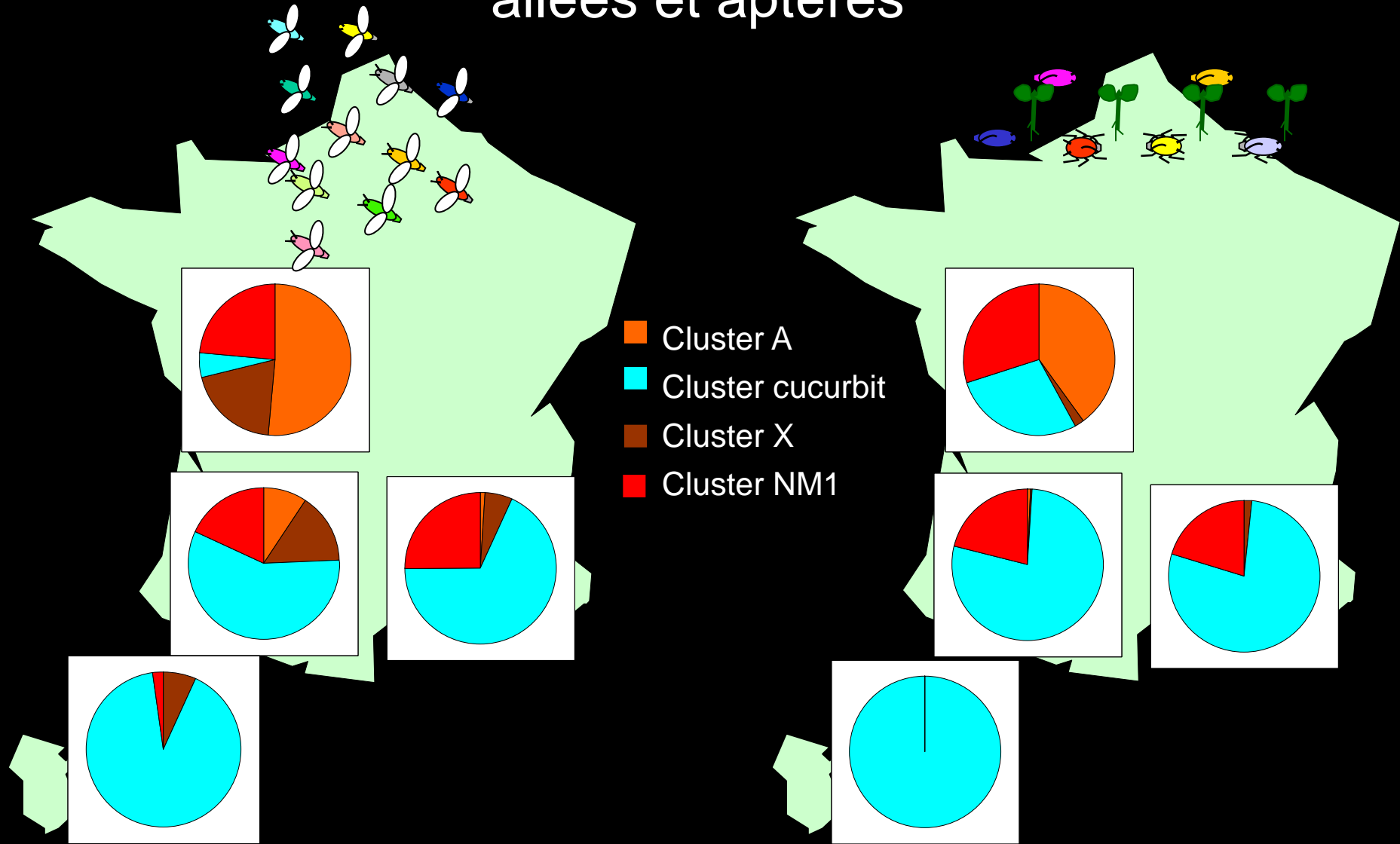


K=6

Carletto *et al.* 2009



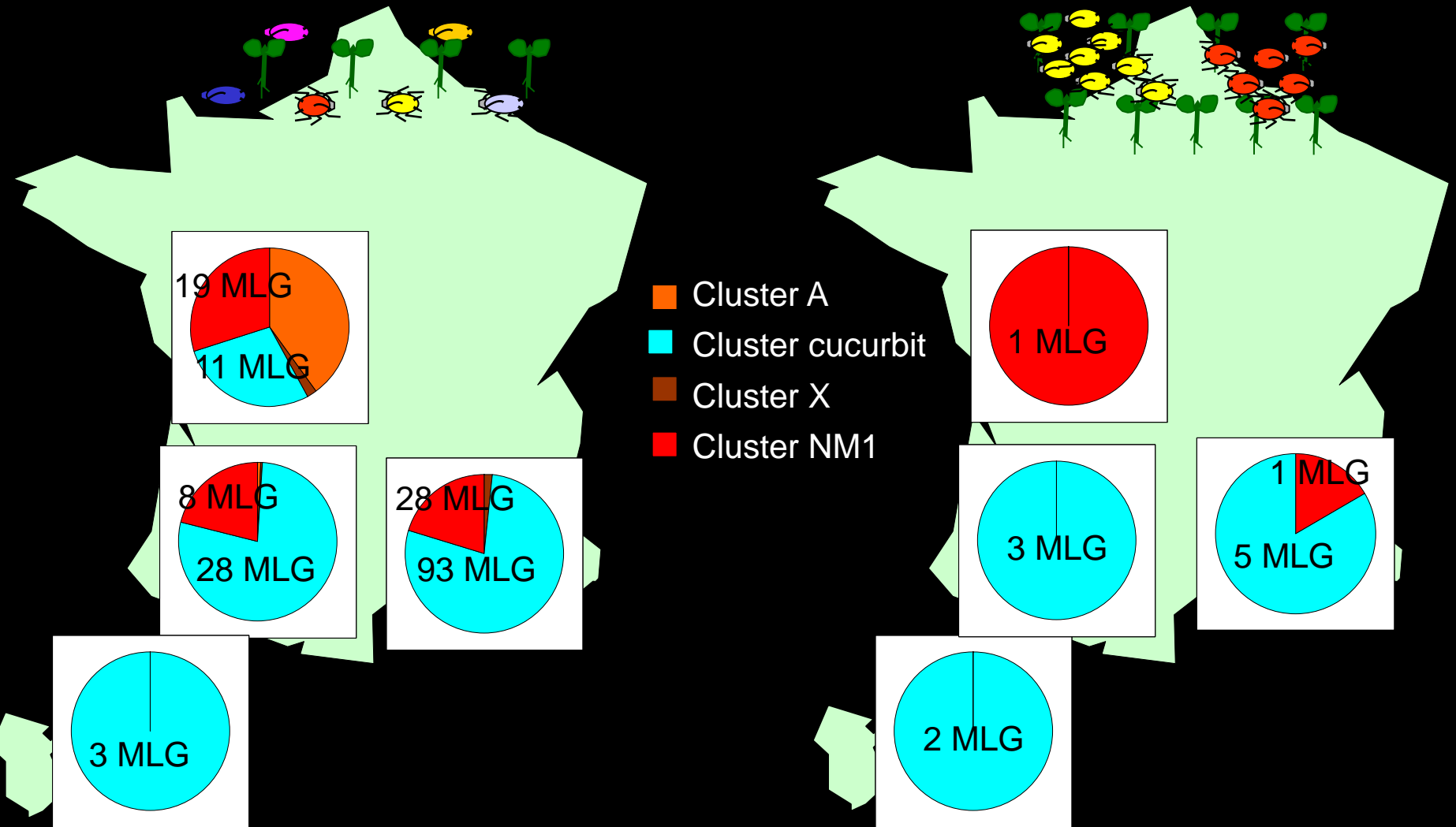
Comparaison de la structure des populations ailées et aptères



Réduction de la diversité des individus non assignés aux clusters cucurbit et NM1



Comparaison de la structure des populations aptères et des colonies



Amplification clonale des individus adaptés aux Cucurbitacées chez les aptères



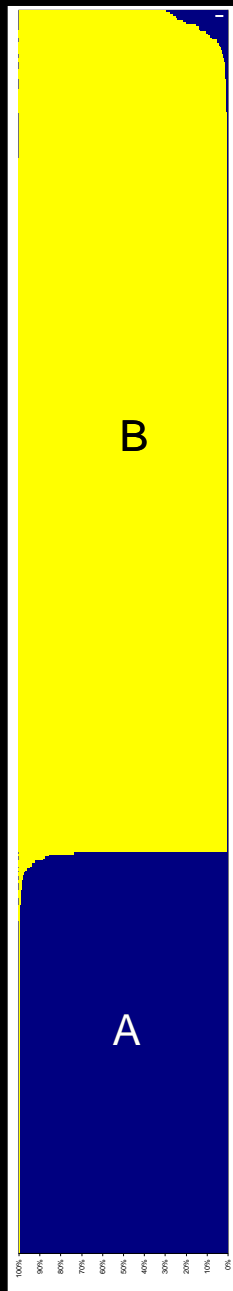
Quelques indices sur le mode de reproduction

Populations d'aîlés

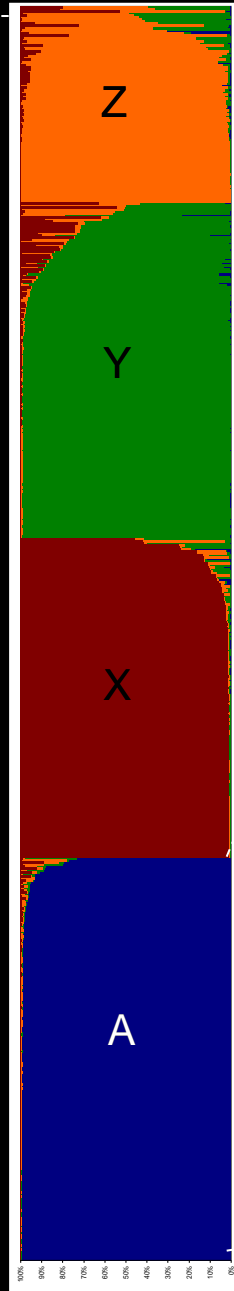
Clusters	Areas	N	G	HW	DL	F_{IS}	IC F_{IS} (95%)
A	SE	12	10	5/7	13/28	0.610	0.453 ; 0.679
	SW	22	21	3/8	6/28	0.346	0.249 ; 0.353
	W	182	172	0/8	21/28	0.451	0.403 ; 0.451
X	SE	84	61	1/8	27/28	0.310	0.248 ; 0.355
	SW	32	32	4/8	7/28	0.229	0.123 ; 0.278
	W	37	37	5/8	6/28	0.321	0.253 ; 0.434
	FWI	24	7	0/7	20/28	-0.027	-0.300 ; 0.112
Y, the cucurbit cluster	SE	819	130	0/8	27/28	-0.232	-0.239 ; -0.213
	SW	135	38	1/8	27/28	-0.180	-0.274 ; -0.143
	W	17	13	4/8	18/28	0.079	-0.028 ; 0.151
	FWI	316	6	0/8	28/28	-0.694	-0.829 ; -0.666
Z, the NM1 cluster	SE	301	40	0/8	28/28	-0.451	-0.561 ; -0.366
	SW	43	23	0/8	28/28	0.189	0.037 ; 0.286
	W	55	35	0/8	28/28	0.565	0.521 ; 0.589
	FWI	8	6	3/8	25/28	0.051	-0.341 ; 0.070



$K = 2$



$K = 4$



$K = 6$



Quelques indices sur le mode de reproduction

Populations d'ailés des 6 sous-clusters A

Clusters	n	g	HW	DL	F_{IS}	IC F_{IS} (95%)
A1	47	44	2/8	9/28	0.434	0.364 ; 0.497
A2	26	24	3/6	3/28	0.274	0.208 ; 0.359
A3	39	34	2/8	12/28	0.335	0.263 ; 0.378
A4	44	34	5/7	8/28	0.078	-0.041 ; 0.150
A5	43	41	3/7	7/28	0.244	0.117 ; 0.339
A6	31	30	3/8	5/28	0.259	0.174 ; 0.304

=> Reproduction sexuée chez *Aphis gossypii*

Thomas et al. BMC Evol Biol. 2012



2^{ème} bilan sur l'histoire évolutive d'*Aphis gossypii*

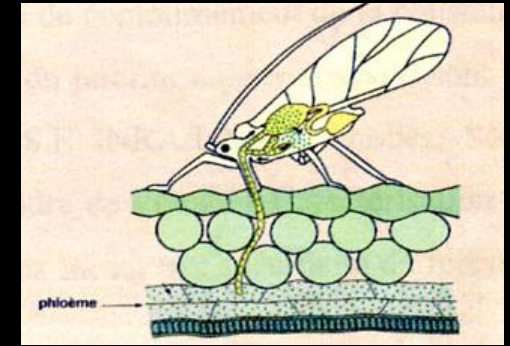
1. Espèce très polyphage
2. Quelques populations se sont spécialisées sur des plantes hôtes cultivées ⇔ races d'hôtes dominées par des clones hyper-adaptés aux pressions de sélection des agrosystèmes. Mais possibilité d'une stratégie de reproduction mixte : lignées clonales et lignées sexuées (reprod. consanguine)
3. Pas d'implication des endosymbiontes II^{aires} dans la spécialisation
4. La sélection de l'habitat se fait sur la plante – la sélection par la plante est puissante et rapide



Bases génétiques de l'adaptation à la plante hôte ?

Protéines salivaires

Acyrtosiphon pisum : 11 gènes codant pour des protéines salivaires dont 3 potentiellement impliqués dans la spécialisation sur plante-hôte (Jaquiery et al. 2012).



Recherche bioinformatique dans les bases de données de secrétomes salivaires d' *A. pisum*, *Myzus persicae* et *A. gossypii* => identification de 11 gènes candidats

Séquençage de chacun des 11 gènes chez 17 clones d' *A. gossypii*



Remerciements

UMR ISA

Aurélie Blin

Pascal Chavigny

Jérôme Carletto

CBGP

Anne Loiseau

Laure Sauné

UR GAFL

Nathalie Boissot

Pascal Mistral

Sophie Thomas

Leslie Dutartre

Cirad

Thierry Brévault

Philippe Menozzi

