

## COMMUNIQUÉ DE PRESSE

Le 23 février 2010

### La séquence du génome du puceron du pois est dévoilée

Un consortium international<sup>1</sup>, coordonné en France par une équipe de recherche de l'INRA de Rennes<sup>2</sup> et impliquant à Lyon, l'Unité Mixte de Recherche INRA/INSA-Lyon BF2i<sup>3</sup> et son association dans l'Équipe INRIA BAMBOO<sup>4</sup>, a séquencé et analysé le génome complet du puceron du pois. C'est ainsi le premier génome d'insecte de la famille des Hémiptères (insectes « piqueurs-suceurs ») à être dévoilé. Les résultats sont publiés dans le numéro de la revue PLoS Biology du 23 février 2010. Avec leur système de reproduction clonale extrêmement rapide, leur alimentation à base de sève des plantes permise par une symbiose bactérienne obligatoire et leur capacité à transmettre des virus aux plantes, les pucerons sont des ravageurs des cultures particulièrement redoutables. Cette avancée dans l'analyse génomique des mécanismes physiologiques et cellulaires est une étape essentielle pour mieux comprendre la biologie originale mais complexe de cet insecte. Une première avancée qui ouvre des perspectives à long terme pour lutter contre les pucerons.

#### Mieux connaître la biologie du puceron pour mieux le combattre

En se nourrissant de la sève des plantes et en propageant de nombreux virus à l'origine des maladies des végétaux, les pucerons affaiblissent considérablement les plantes entraînant ainsi des pertes de rendements conséquentes pouvant aller de 20 à 30% selon les productions (céréales, pommes de terre ou cultures maraîchères). Le puceron ne peut pas vivre sans sa bactérie *Buchnera aphidicola* ; cette symbiose qui date d'environ 200 millions d'années lui est indispensable pour compléter (acides aminés) son régime alimentaire déséquilibré. D'autre part, le puceron développe également des adaptations très particulières à son environnement en alternant reproduction sexuée et clonale. Mieux connaître les mécanismes responsables de ces différentes spécificités permettraient à terme de découvrir de nouvelles cibles pour perturber les populations de ces ravageurs.

#### Une avancée pour la connaissance de la biologie des pucerons

Le séquençage du génome du puceron du pois a été effectué par le Baylor College of Medicine à Houston aux États-Unis. Ce génome contient environ 34 000 gènes, soit 2 fois plus que celui d'autres espèces d'insectes dont les génomes sont actuellement disponibles (la mouche du vinaigre, l'abeille, le ver à soie...). Cette particularité peut notamment expliquer la capacité du puceron à développer des adaptations très particulières à son environnement.

Par exemple, les pucerons résistent aux froids hivernaux en basculant d'un mode de reproduction vivipare parthénogénétique au printemps et en été, vers un mode de reproduction ovipare sexué en automne ; les oeufs pondus avant l'hiver sont, contrairement aux larves vivipares, des formes de résistance au froid.

L'absence de certains gènes décrits classiquement comme intervenant dans la réponse immunitaire contre les bactéries ou les champignons est également un résultat original de l'analyse du génome du puceron du pois. Cette absence pourrait être liée à l'existence de la symbiose obligatoire avec la bactérie du genre *Buchnera*.

L'accès au catalogue de gènes du puceron ouvre également des pistes pour comparer la structure de ce génome à celui d'autres insectes. Le génome du puceron du pois est ainsi le premier génome d'un insecte de l'ordre des Hémiptères à être dévoilé, et le premier génome d'un insecte qui se nourrit directement de la sève des plantes.

Enfin, l'obtention de la séquence d'un génome est l'équivalent de la description anatomique d'un organisme. Si décrire les différents éléments constituant le génome du puceron du pois représente une avancée essentielle et indispensable, un autre défi est, à l'avenir, de comprendre comment ces différents éléments fonctionnent en interaction pour produire l'ensemble des caractéristiques originales des pucerons. C'est ce à quoi les membres du consortium travaillent actuellement.

---

<sup>1</sup> Le consortium international de la génomique des pucerons implique une vingtaine d'unités de recherche issues d'une dizaine d'organismes en France et dans 8 autres pays. Il a bénéficié du soutien financier du National Human Genome Research Institute aux États-Unis, et de l'INRA pour la bioinformatique.

<sup>2</sup> UMR INRA / Agrocampus Ouest / Université Rennes 1, "Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes" (BiO3P), INRA Rennes.

<sup>3</sup> UMR203 INRA / INSA-Lyon, Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions (BF2I), Villeurbanne.

<sup>4</sup> Équipe BAMBOO, UMR5558 CNRS / INRIA / Université Claude Bernard Lyon 1, "Biométrie et Biologie Évolutive" (LBBE), Villeurbanne.

### Référence de la publication

The International Aphid Genomics Consortium, (2010). Genome sequence of the pea aphid *Acyrtosiphon pisum*. PLoS Biol. 8(2):e1000313. [doi:10.1371/journal.pbio.1000313]

Une vingtaine d'articles complémentaires sont également publiés, avec notamment un numéro spécial de la revue *Insect Molecular Biology* (vol 19, sous presse).

### Contact scientifique

Hubert CHARLES  
UMR203 INRA / INSA-Lyon BF2I  
INSA Bâtiment L. Pasteur  
11 av. Jean Capelle  
F-69621 Villeurbanne cedex, France  
Tél. : 04 72 43 80 85  
[Hubert.Charles@insa-lyon.fr](mailto:Hubert.Charles@insa-lyon.fr)